



Modélisation structurelle des réseaux sociaux : application à un système d'aide à la décision en cas de crise sanitaire

Cynthia Basileu

► To cite this version:

Cynthia Basileu. Modélisation structurelle des réseaux sociaux : application à un système d'aide à la décision en cas de crise sanitaire. Médecine humaine et pathologie. Université Claude Bernard - Lyon I, 2011. Français. NNT : 2011LYO10240 . tel-00755031

HAL Id: tel-00755031

<https://theses.hal.science/tel-00755031>

Submitted on 20 Nov 2012

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



UNIVERSITÉ CLAUDE BERNARD LYON 1

Thèse

présentée par **Cynthia BASILEU**

pour l'obtention du grade de

Docteur de l'université de Lyon 1

Spécialité : Mathématiques - Épidémiologie, Santé publique, Recherche sur les services de santé

Modélisation structurelle des réseaux sociaux : Application à un système d'aide à la décision en cas de crise sanitaire.

soutenue publiquement le 02 Décembre 2011 devant le jury composé de :

Président :	Mr Marc BUI	Professeur à l'EPHE
Rapporteur :	Mr Bernard DOUSSET	Professeur à l'université Paul sabatier Toulouse
Rapporteur :	Mme Gabriella SALZANO	MCF -HDR à l'université Paris-EST Marne-la-Vallée
Examinatrice :	Mme Carole SIANI	MCF -HDR à l'université Lyon 1
Directeur :	Mr Michel LAMURE	Professeur à l'université Lyon 1
Co-directeur :	Mr Ahmed BOUNEKKAR	MCF à l'université Lyon 1
Membre invité :	Mr Jean-Marie COHEN	MG Épidémiologiste OPEN ROME - GROG
Membre invité :	Mme Nadia KABACHI	MCF à l'université Lyon 1

Laboratoire Sciences de la décision complexe et politiques de santé

REMERCIEMENTS

Ce travail, ma thèse, est l'aboutissement du rêve d'une jeune fille qui souhaitait « aller le plus loin possible » dans ses études. Mais une aventure humaine ne peut se réaliser dans toute son intégrité sans le concours de personnes extérieures qui à chaque instant du parcours nous apporte le plus, nécessaire à la poursuite du chemin. Qu'il me soit permis de dire ici toute ma gratitude à tous ceux et à toutes celles qui, de près ou de loin m'ont apporté leur aide. Je ne pourrai pas tous les citer, j'en oublierai certainement. D'avance, à ceux-là, je présente toutes mes excuses.

A monsieur Michel LAMURE, mon directeur de thèse, mon infinie gratitude. Attentif et précieux dans ses conseils, il m'a accordé sa confiance, permis de travailler sur ce sujet très passionnant.

Je remercie également Ahmed BOUNEKKAR, co-directeur, pour son attention.

Merci à Marc BUI d'avoir accepté de présider le jury.

Merci aux membres du jury d'avoir accepté de juger ce travail.

Merci au Pr Bernard DOUSSET et Mme Gabriella SALZANO pour avoir accepté d'être rapporteur de ce travail.

Merci à Hala BAYOUMI et à toute son équipe pour m'avoir encadré lors du stage sur les SIG. Merci à tous pour tous les conseils.

Merci à Jean-Marie COHEN et à toute l'équipe du GROG pour l'intérêt porté à ce travail.

Merci à Nadia KABACHI pour ses conseils.

Je remercie également Mohamed BIBIMOUNE, Murat AHAT et Jacques pour leur précieux conseil en matière de programmation informatique.

Je tiens à remercier particulièrement Guillaume OPELY qui m'a conduit à cette thèse. Merci pour tous les conseils et pour toutes les corrections effectuées.

Je remercie Ludmila BASILEU et toute ma famille pour leur soutien au quotidien.

RESUME

Face à une situation de crise sanitaire liée à l'apparition d'une pandémie de grande envergure, des mesures adéquates doivent rapidement être prises pour la contenir tout en préservant la capacité de production de l'économie. D'autre part, beaucoup de travaux sont réalisés dans le domaine de la diffusion de la propagation d'une épidémie. C'est pourquoi, nous accentuons notre apport à un décideur afin de lui permettre de maintenir les fonctions minimums de survie de la société dans le cadre d'une crise sanitaire. Ainsi, nous proposons un modèle d'aide à la décision de gestion de crise sanitaire.

Par ailleurs, la société est située au cœur de notre modèle. Nous sommes donc amenés à considérer un certain nombre d'interactions directes et indirectes entre divers individus. La théorie des graphes, et principalement les graphes aléatoires, permettent de gérer une à une ces relations. Or, dans notre cas, la gestion des relations une à une n'est pas appropriée d'autant plus que les relations peuvent varier sous l'influence de facteurs incontrôlables. Cela nous a conduit à proposer un modèle mathématique de réseaux stochastiques basé sur une extension de la théorie des graphes aléatoires. Il s'agit de la prétopologie stochastique qui est issue du couplage de deux théories mathématiques fondamentales, la prétopologie classique et les ensembles aléatoires.

La simulation de notre modèle est effectuée selon une approche multi-agents. Nous avons opté pour cette approche car nous souhaitons mettre en place un modèle d'aide à la décision. Cette méthode va donc nous permettre de faire des simulations et des analyses de sensibilités. Nous avons une représentation explicite des comportements des individus qui ne sont pas figés. Située entre la théorie et l'ensemble des données de l'expérience, l'approche multi-agents permet de prendre en compte de manière simultanée les comportements individuels, les interactions entre les individus et les hypothèses dynamiques formulées dans le modèle. Cette approche sera couplée au système d'information géographique afin de considérer l'aspect spatial. Considéré comme un « oignon », le système d'information géographique permet d'exploiter différentes données et de les superposer sous forme de couches. Disposant de données épidémiologiques provenant des Groupes Régionaux d'Observation de la Grippe (GROG) et des données sociodémographiques issues de l'Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques (INSEE), nous pourrions tester la robustesse de notre modèle.

Mots clés : modélisation, pandémie, systèmes dynamiques, gestion de crise, prétopologie, simulation, système multi-agents.

ABSTRACT

To manage a public health crisis resulting from an outbreak of a large-scale pandemic, it is necessary to be capable of taking adequate measures very quickly. These measures must be taken to protect the productive capacity of the economy. Consequently, I have focused on the development of a « decision-making support » model with hybrid agents simulating the spreading of a pandemic, which is established on the medical characteristics of the virus as well as the socioeconomic structure of the concerned geographical zone. This socioeconomic structure being at the centre of the model, a pretopological modelling of the concept of social network is therefore proposed and integrated into the approach agent.

Keywords : Modelling, pandemic, dynamic systems, crisis management, pretopology, simulation, multi-agent system.

Table des matières

REMERCIEMENTS	2
RESUME	3
ABSTRACT	4
TABLE DES FIGURES	9
LISTE DES TABLEAUX	10
INTRODUCTION	11
1 ETAT DE L'ART	13
1.1 La modélisation d'une épidémie	14
1.2 La gestion de crise	33
1.3 Les réseaux complexes	40
1.3.1 Définitions	44
1.3.2 La modélisation des réseaux complexes	49
1.4 Le système multi-agents	63
1.5 Le système d'information géographique	70
1.6 Conclusion	76
2 MODELE DES RESEAUX STOCHASTIQUES	77
2.1 Introduction	78
2.2 Rappels de prétopologie	78
2.2.1 Espaces prétopologiques	79
2.2.2 Ouverture et fermeture dans les espaces prétopologiques	82
2.2.3 Les fonctions de la prétopologie	84
2.3 Éléments sur les ensembles aléatoires	91
2.3.1 Les ensembles aléatoires : définitions de mesurabilité	91
2.3.2 L'intégrabilité des ensembles aléatoires	92
2.4 Le modèle de la prétopologie stochastique	93
2.4.1 Définition de la prétopologie stochastique	94
2.4.2 Analyse prétopologique d'un réseau complexe stochastique	100
2.4.3 Compléments : connexité	111
2.4.4 Analyse statistique des réseaux complexes	121

2.5	Conclusion	134
3	MODELE DE SIMULATION	135
3.1	Présentation du modèle	136
3.1.1	Objectifs	136
3.1.2	Description du modèle	137
3.1.3	Hypothèses	142
3.1.4	Notations	143
3.1.5	Structure et paramètres du modèle	144
3.1.6	Processus de comptabilisation des agents	148
3.2	Le modèle de simulation informatique	150
3.2.1	Les logiciels de simulation	150
3.2.2	Le modèle de simulation	154
3.3	Présentation des résultats	158
3.3.1	Expérience 1 : Calcul des indicateurs « prétopologiques »	158
3.3.2	Expérience 2 : Analyse de l'impact de mesures prise pour la gestion de crise	169
3.3.3	Expérience 3 : Analyse de l'évolution d'une pandémie par type d'agents	173
3.4	Conclusion	185
	CONCLUSION GENERALE	186
	LISTE DES PUBLICATIONS	190
	BIBLIOGRAPHIE	239

Table des figures

1.1	Carte illustrant la pandémie de la grippe A/H1N1 en Europe, 12 mai 2009. <i>ECDC</i> .	15
1.2	Voisinage au sens de Von Neumann.	17
1.3	Voisinage au sens de Moore.	17
1.4	Le modèle SI.	20
1.5	Le modèle SIS.	20
1.6	Le modèle SIR.	20
1.7	Le modèle SIRS.	21
1.8	Le modèle SEIR.	21
1.9	Le modèle SEIRS.	22
1.10	Acquisition de l'agent pathogène dans la zone A.	23
1.11	Acquisition de l'agent pathogène dans la zone B.	23
1.12	Acquisition de l'agent pathogène au cours du transport.	24
1.13	Les trois de types de mobilité d'après M. Smallman-Raynor et A.D. Cliff [203].	26
1.14	Présentation de deux cas différents d'évolution d'une épidémie.	36
1.15	Exemple d'un réseau (graphe non orienté).	40
1.16	Exemple de différents types de réseaux.	41
1.17	Exemple d'un réseau social.	42
1.18	Exemple d'un réseau d'informations : réseau de citations.	42
1.19	Exemple d'un réseau technologique : réseau Internet.	43
1.20	Exemple d'un réseau biologique : réseau d'interactions entre protéines [134].	43
1.21	Exemple du calcul du degré de corrélation du sommet i	47
1.22	Distribution des degrés de réseaux réels.	48
1.23	Courbe des distributions des degrés.	49
1.24	Photographie de Stanley Milgram.	49
1.25	Exemple d'une composante géante.	51
1.26	Procédure de reconnexion entre réseau régulier et réseau aléatoire. <i>Watts et Strogatz</i>	55
1.27	Définition du verbe écorcer <i>Dictionnaire Robert</i> . [115]	57
1.28	Extrait du graphe autour du verbe écorcer. <i>Dictionnaire Robert</i> . [115]	58
1.29	Extrait du graphe des verbes autour du verbe écorcer. <i>Dictionnaire Robert</i> . [115]	58
1.30	Topologie de réseau social de type « Petit-Monde ». <i>D'après S. Eubank, 2004</i> . .	60
1.31	Exemples d'activités virtuelles de quelques habitants de la ville.	60
1.32	Photographie du Dr John Snow.	70
2.1	Suivi d'un processus de diffusion.	80

2.2	A fermée : pas de relation entrante.	83
2.3	A ouverte : pas de relation sortante.	83
2.4	Exemple avec un type de relation.	85
2.5	sous ensemble A.	86
2.6	Adhérence de A.	86
2.7	Dérive de A.	87
2.8	Intérieur de A.	87
2.9	Orle de A.	88
2.10	Bord de A.	88
2.11	Frontière de A.	89
2.12	Cohérence de A.	89
2.13	Extérieur de A.	90
2.14	Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_1)$	94
2.15	Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_2)$	95
2.16	Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_3)$	95
2.17	Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_4)$	96
2.18	Espace des rapports d'intérieur et d'adhérence.	102
2.19	Espace des rapports d'adhérence et d'intérieur pour la relation \mathcal{R}	103
2.20	relation \mathcal{R}_1	108
2.21	relation \mathcal{R}_2	109
2.22	relation \mathcal{R}_3	109
2.23	relation \mathcal{R}_4	110
2.24	Relation $\mathcal{R}(\omega_1)$	111
2.25	Relation $\mathcal{R}(\omega_2)$	112
2.26	Relation $\mathcal{R}(\omega_3)$	112
2.27	Graphe pour $\omega = \omega_1$	114
2.28	Graphe pour $\omega = \omega_2$	114
2.29	Graphe pour $\omega = \omega_3$	115
2.30	Adhérence - scénario 1.	122
2.31	Adhérence - scénario 2.	122
2.32	Adhérence - scénario 3.	123
2.33	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_1)$	129
2.34	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_2)$	129
2.35	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_3)$	130
2.36	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_4)$	130
2.37	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_1)$	131
2.38	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_2)$	131
2.39	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_3)$	132
2.40	Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_4)$	132
3.1	Représentation du modèle monde.	139
3.2	Présentation du modèle SEIR.	139
3.3	Représentation des caractéristiques d'un agent.	140
3.4	Exemples de déplacements inter et intra-départementaux en intégrant le type de transport.	147

3.5	Présentation de la plateforme ArcMap.	151
3.6	Présentation de la plateforme ArcCatalog contenant l'outil ArcToolbox.	151
3.7	Présentation de la plateforme Repast Symphony.	152
3.8	Présentation de la plateforme Repast Symphony.	153
3.9	Carte des départements français géoréférencées avec ArcGIS.	154
3.10	Représentation des agents dans des zones géographiques.	155
3.11	Répartition des agents par département au début de la simulation.	159
3.12	État des agents au cinquième jour.	160
3.13	Évolution du nombre d'infectieux par département.	160
3.14	Espace des rapports d'adhérence et d'intérieur.	168
3.15	Évolution de l'épidémie de grippe.	172
3.16	Évolution de la mortalité.	172
3.17	Caractéristiques de l'agent infectieux.	175
3.18	Répartition des agents dans les 4 départements.	175
3.19	Extraction de la relation de ménage.	176
3.20	Présentation des paramètres retenus.	177
3.21	Initialisation.	177
3.22	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 1 ^{ère} journée.	178
3.23	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 2 ^{ème} journée.	178
3.24	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 5 ^{ème} journée.	179
3.25	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 10 ^{ème} journée.	179
3.26	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 25 ^{ème} journée.	180
3.27	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 50 ^{ème} journée.	180
3.28	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 75 ^{ème} journée.	181
3.29	État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 100 ^{ème} journée.	181
3.30	Évolution des Habitants infectieux par département.	182
3.31	Évolution du personnel médical infectieux par département.	182
3.32	Évolution des Emplois sensibles infectieux par département.	183
3.33	État de l'évolution de l'évolution de la mortalité.	183

Liste des tableaux

1.1	Caractérisation des nœuds et des arêtes (arcs).	40
1.2	Comparaison des coefficients de clustering entre réseaux réels et graphes aléatoires.	52
2.1	Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_1$	116
2.2	Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_2$	117
2.3	Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_3$	118
2.4	Calcul de $1_{a(\omega_i, A)}$, $i = 1, \dots, 4$	133
3.1	Règle du changement d'état de santé d'un agent	156
3.2	Répartition des agents au sein des quatre départements à $t = 0$	158
3.3	Adhérence de chacun des agents le 1 ^{er} jour.	162
3.6	Adhérence de chacun des agents du 2 ^{eme} et 3 ^{eme} jour.	165
3.9	Adhérence de chacun des agents du 4 ^{eme} et 5 ^{eme} jour.	167
3.10	Répartition globale des agents en fonction de leur état de santé	170
3.11	Valeurs retenues pour chacun des paramètres en fonction du scénario considéré.	171
3.12	Répartition des agents pour le département de l'Ain.	173
3.13	Répartition des agents pour le département de l'Isère.	174
3.14	Répartition des agents pour le département de Loire.	174
3.15	Répartition des agents pour le département du Rhône.	174

INTRODUCTION

Depuis de nombreuses années, notre société est perpétuellement confrontée à divers types d'épidémies. Nous avons l'exemple récent du cas de la pandémie de la grippe A/H1N1.

Au delà de cet aspect de diffusion de la grippe A/H1N1, nous avons également pu suivre, grâce aux informations relatées dans les médias, les différentes décisions prises au sein de la cellule de crise de manière à gérer au mieux la propagation de la grippe A/H1N1. Prenons l'exemple de la gestion des vaccins que ce soit au niveau de leurs acquisitions ou encore au niveau de la vaccination, on a pu constater en France que les décisions prises ont pu être contras-tées.

D'autre part, beaucoup de travaux sont réalisés dans le domaine de la diffusion de la propagation d'une épidémie. C'est pourquoi, nous souhaitons accentuer notre apport à un décideur afin de lui permettre de maintenir les fonctions minimums de survie de la société dans le cadre de la gestion d'une crise sanitaire. Ainsi, dans ce rapport, nous proposons un modèle d'aide à la décision de gestion de crise sanitaire.

Par ailleurs, la société est située au cœur de notre modèle. Nous sommes donc amenés à considérer un certain nombres d'interactions directes et indirectes entre divers individus. La théorie des graphes, et principalement les graphes aléatoires, permettent de gérer une à une ces relations. Or, dans notre cas, la gestion des relations une à une n'est pas appropriée d'autant plus que les relations peuvent varier sous l'influence de facteurs incontrôlables. Cela nous a conduit à proposer un modèle mathématique de réseaux stochastiques basé sur une extension de la théorie des graphes aléatoires. Il s'agit de la prétopologie stochastique qui est issue du couplage de deux théories mathématiques fondamentales à savoir la prétopologie classique et les ensembles aléatoires.

La simulation de notre modèle est effectuée selon une approche multi-agents. Nous avons opté pour cette approche car nous souhaitons mettre en place un modèle d'aide à la décision. Cette méthode va donc nous permettre de faire des simulations et des analyses de sensibilités. De plus, nous avons une représentation explicite des comportements des individus qui ne sont pas figés. Située entre la théorie et l'ensemble des données de l'expérience, l'approche multi-agents permet de prendre en compte de manière simultanée les comportements individuels, les interactions entre les individus et les hypothèses dynamiques formulées dans le modèle. Cette approche sera couplée au système d'information géographique afin de considérer l'aspect spatial. De plus, considéré comme un « oignon », le système d'information géographique permet d'exploiter différentes données et de les superposer sous forme de couches. Disposant de don-

nées épidémiologiques provenant des Groupes Régionaux d'Observation de la Grippe (GROG) et socio-démographiques issues de l'Institut National de la Statistique et des Études Économiques (INSEE), nous avons pu tester la robustesse de notre modèle.

Ce rapport est constitué de trois chapitres. Dans le premier chapitre, nous synthétisons l'ensemble des travaux réalisés dans notre domaine de recherche. Ensuite, nous présentons le modèle des réseaux stochastiques. Puis, nous terminons par la présentation de notre modèle de simulation avant de conclure.

Chapitre 1

ETAT DE L'ART

Dans ce chapitre, nous allons faire un bilan des divers travaux qui englobent les thèmes liés à notre sujet de recherche.

La première partie sera consacrée aux travaux réalisés sur la modélisation des épidémies et la deuxième partie sera dédiée à la gestion de crise. La troisième partie concernera les réseaux complexes. Dans la quatrième partie, nous expliciterons les travaux réalisés dans le domaine des systèmes multi-agents. La fin du chapitre traitera des systèmes d'information géographique.

1.1 La modélisation d'une épidémie

Depuis quelques années, les problèmes d'infection sont de plus en plus présents dans notre quotidien. Ces fléaux épidémiques entraînent une augmentation de la mortalité ce qui peut être parfois catastrophique. Cela peut s'illustrer par l'apparition de la peste, qui au moyen âge, a fait des ravages. Au cours du 14^{ème} siècle, la peste noire dite « la grande peste » fit son apparition et engendra de nombreuses pertes humaines à tel point que des villes importantes devinrent des déserts. Au 15^{ème} siècle, la suette anglaise dévasta l'Angleterre. En 1742-1743, la grippe remplaça « l'épidémie catarrhale ». Vers la fin de la première guerre mondiale, on a pu constater le désastre causé par la grippe issue d'une souche H1N1 appelée « grippe espagnole » en France. Puis, plus récemment, nous avons les épidémies et les pandémies telles que le syndrome de l'immunodéficience acquise (SIDA), le syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS), le cancer du poumon, la vache folle, la tremblante du mouton, le paludisme, la grippe aviaire souche H5N1, la pandémie intestinale c'est-à-dire la gastro-entérite, la grippe saisonnière que nous observons chaque année, la grippe A/H1N1... Toutes ces épidémies voire pandémies autant dévastatrices les unes que les autres ont conduit à de nombreuses recherches dans le but de comprendre le phénomène, réduire la mortalité ou éradiquer la maladie.

Dans un premier temps, il devient nécessaire de distinguer les trois termes suivants : endémie, épidémie et pandémie. La distinction de ces termes se fait essentiellement au niveau de la proportion de personnes atteintes par l'agent infectieux.

On parle d'« **endémie** » lorsque la maladie infectieuse est présente habituellement dans une zone géographique. L'Amérique centrale est une zone endémique de la dengue. De même, la Thaïlande est une zone endémique pour la fièvre jaune. De manière générale, en considérant une zone géographique, une endémie se développe en fonction des conditions géographiques et climatiques, des facteurs socio-économiques et de l'alimentation des individus.

Le terme « **épidémie** » est plus approprié lors d'une forte croissance du nombre de cas d'une même maladie contagieuse ou non en un lieu donné et à un moment précis. Nous pouvons citer l'exemple de l'épidémie de la grippe espagnole mais aussi l'épidémie du SIDA, de l'obésité, du cancer du poumon... qui sont des maladies non contagieuses.

Une « **pandémie** » est une épidémie dont la diffusion géographique est très étendue [132]. Nous avons l'exemple récent du cas de la grippe A/H1N1 qui causa de nombreux décès à l'échelle mondiale. (se référer à la figure 1.1. En jaune pâle, les pays où aucun cas n'est signalé. En jaune-orangé ceux où des cas probables ou confirmés sont observés. En gris, les pays non membres du centre européen de prévention et de contrôle des maladies (ECDC). Les ronds rouges donnent une indication du nombre de cas confirmés, avec trois seuils, 1, 10 et 100.)

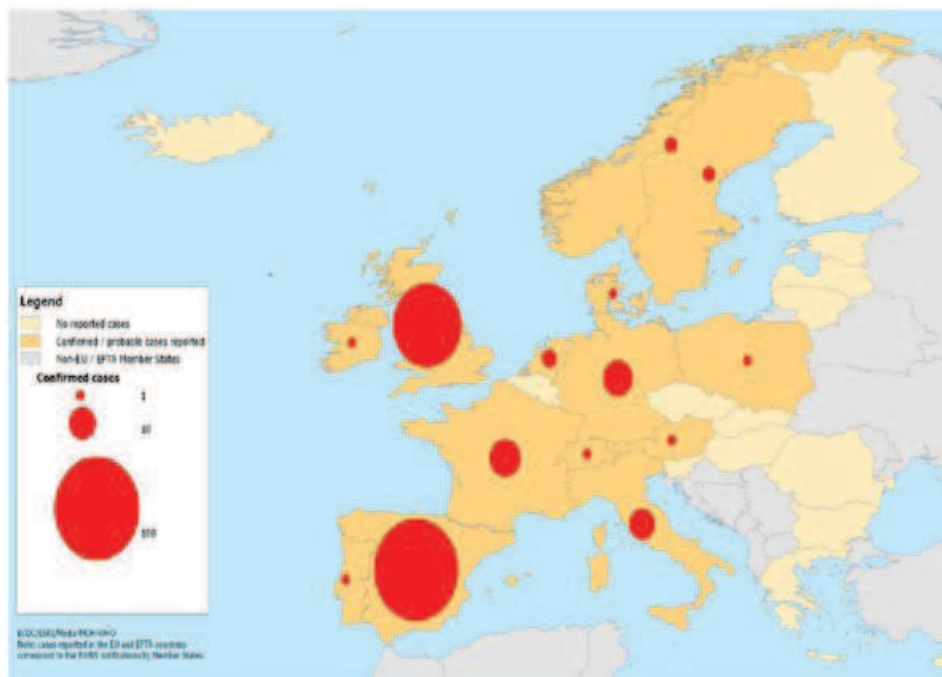


FIGURE 1.1 – Carte illustrant la pandémie de la grippe A/H1N1 en Europe, 12 mai 2009. *ECDC*.

Face à ces diverses épidémies destructrices, de nombreux chercheurs se sont penchés sur les problèmes de leur diffusion. N.M. Ferguson et al. [102], par exemple, traitent des risques de santé public lors d'une épidémie de grippe aviaire H5N1. Sachant que toute détection de cas de transmission humaine engendre une augmentation du niveau d'alerte pandémique, les auteurs proposent un modèle permettant de détecter l'augmentation de la contagiosité virale basé sur l'étude de groupes de cas humains. Dans [10], J.J. Angulo et al. font une brève description de divers thèmes liés à l'épidémie (théorie de la diffusion, données épidémiques, approches géographiques...). Leur modèle spatio-temporel décrit comment l'épidémie de la variole mineure s'est propagée dans la ville de Bragança Paulista du Brésil.

La diffusion ou la propagation de l'épidémie est définie comme étant la croissance du nombre d'individus infectés en considérant les aspects temporel et spatial. Il faut noter qu'une épidémie a tendance à se propager d'autant plus rapidement que chaque individu est amené à rencontrer un certain nombre d'individus au cours d'une journée que ce soit sur le lieu du travail, dans les établissements scolaires ou lors de sorties diverses telles que les voyages, le cinéma, les concerts, les centres commerciaux, les transports en commun... La transmission de la grippe d'un individu à un autre s'effectue surtout par les aérosols à grosses particules émis lors des éternuements ou la toux [51]. Cette transmission sous-entend une proximité des individus mais les particules posées sur une surface restent vivantes durant un à deux jours et constituent une source de diffusion. Les réseaux de contacts sont probablement différents selon la culture, la taille de communauté et l'appartenance à un milieu rural ou urbain [118]. Les transports modernes ont tendance à aggraver les risques de contracter une épidémie.

On distingue trois types de diffusion de l'épidémie :

1. La diffusion par contagion : c'est la transmission directe inter-humaine c'est-à-dire de l'agent pathogène d'un individu contaminé à un individu susceptible. L'individu est donc le seul réservoir et le seul transmetteur du virus.
2. La diffusion hiérarchique ascendante (propagation s'effectuant d'une petite ville à une grande ville) ou inversement c'est-à-dire de manière descendante : la contamination s'effectue de manière ordonnée. Par exemple, d'un centre métropolitain à un village distant. Elle est engendrée par l'utilisation des transports aériens, ferroviaires, maritimes. . .
3. La combinaison de la diffusion par contagion et la diffusion hiérarchique.

Les travaux de [55, 91, 92, 117, 120, 131, 155] traitent de divers types d'épidémie (la grippe, la peste aviaire, le SIDA et la coqueluche) où l'interaction est modélisée à l'aide des notions de distance et de masse.

Suite à l'apparition d'une grippe en Chine en 1957 qui se propagea à l'échelle mondiale, les géographes Hunter et Young [131] proposent de cartographier la diffusion de l'épidémie. Ils étudient l'évolution de l'épidémie en Angleterre et au Pays de Galles. Ils constatent que le virus est peu virulent et que les personnes à risque restent les personnes âgées, les femmes enceintes et les personnes présentant des complications pulmonaires. Ce type de modèle vise à évaluer la variation de la quantité d'opportunités de relation en fonction de la position [236]. Il est en de même dans [155] où M. Loytonen et S.I. Arbona souhaitent modéliser et prédire la diffusion de l'épidémie du SIDA à Porto Rico. Ils utilisent la méthode de régression linéaire multivariée pour analyser l'épidémie.

Dans [55], une première étude sur la coqueluche dans un pays en voie de développement est effectuée à une échelle spatiale. Dans ce travail, Broutin et al. déterminent l'impact de l'hétérogénéité locale de la diffusion de l'épidémie de la coqueluche et sa persistance dans un environnement spatio-temporel. Ensuite, ils mettent en évidence l'impact de la taille et de la densité de population sur la diffusion ainsi que la persistance de la coqueluche en réalisant une analyse des séries temporelles.

D'autres travaux [56, 65, 66, 202, 196, 14] utilisant la notion de voisinage tirée de la théorie des graphes ont été réalisés dans le but d'étudier la propagation d'une épidémie. Dans [14], J. Arino et al. décrivent un modèle où la propagation spatiale d'une épidémie peut être transmise entre divers espèces. Chacun des nœuds du graphe correspond à une espèce. Les arcs du graphe représentent les interactions entre les espèces.

En se positionnant sur la notion de voisinage, les auteurs considèrent indirectement un modèle de diffusion par contagion. Ainsi, la notion de proximité est un facteur très important car le risque qu'un individu soit contaminé est d'autant plus élevé qu'il est en interaction avec un individu infectieux. Dans [56, 202], les auteurs utilisent la notion d'automates cellulaires basée sur les approches de Von Neumann et Moore. En fonction de la structure de voisinage choisie, le nombre de voisins peut être de quatre selon la méthode de Von Neumann (se référer à la figure 1.2) ou de huit d'après Moore (se référer à la figure 1.3).

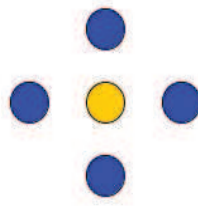


FIGURE 1.2 – Voisinage au sens de Von Neumann.

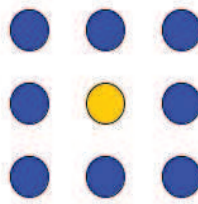


FIGURE 1.3 – Voisinage au sens de Moore.

D'autres travaux ont couplé les notions de densité, de masse et de voisinage [85, 37]. Dans [37], les auteurs O.N. Bjornstad et al. traitent de la dynamique de l'épidémie de la rougeole. Ils ont établi un modèle statistique TSIR (Time-series Susceptible Infected Recovered) qui peut être mesuré par la taille de la population afin de produire des dynamiques endémiques et épidémiques. Ce modèle fait la transition entre les modèles théoriques et les données empiriques. Il permet de comprendre la dynamique endémique où le processus de transmission est dominant.

Par ailleurs, en épidémiologie, il faut noter que la densité de la population rapprochant les contacts entre humains influe sur la persistance et la propagation de l'épidémie [7, 122, 123, 192]. Plusieurs études ont été réalisées dans le but de démontrer cette influence [7, 122, 27]. La combinaison de l'épidémiologie et de l'écologie a permis de mieux comprendre la dynamique des maladies, leurs persistances et leurs transmissions.

Dans [7], R.M. Anderson et R.M. May émettent que la taille de la population peut rester constante si la propagation de la maladie au sein de la population est lente, c'est-à-dire moins d'un an. De même, lorsque le nombre de naissances est sensiblement équivalent au nombre de décès naturels, la taille de la population reste constante dans le cadre d'un modèle prenant en compte plusieurs années.

Dans [122], B. Grenfell et J. Harwood s'intéressent à la dynamique de la métapopulation en cas de maladies infectieuses et précisément dans le cas de la rougeole. De manière générale, l'analyse de la métapopulation (une population au sein d'une population) requiert des données spatio-temporelles mais ces dernières étant difficiles à obtenir, la plupart des développements sont théoriques. Les métapopulations et les théories épidémiques sont fortement liées. Si la densité des personnes susceptibles est forte alors le nombre d'infectés croît fortement de manière exponentielle. Les modèles homogènes simples prédisent trop de mortalité [121] d'où l'introduction d'hétérogénéité réaliste tels que le groupe d'âge, la disposition spatiale des groupes. . .

dans les transmissions du virus pour remédier à ce problème.

Dans [27], M.S. Barlett montre l'effet comparatif de l'immunisation sur la dynamique de transmission et la persistance stochastique.

Outre les travaux visant à analyser la diffusion de l'épidémie, la modélisation dans le domaine de l'épidémiologie est en plein essor.

Des récents travaux de F. Varenne, il ressort qu'en 1979, Pritsker fait un inventaire et dénombre 21 définitions différentes de simulations qui dépendent essentiellement du contexte associé [209]. C'est pourquoi il est important de définir le terme de « modélisation » qui désigne la création d'un modèle représentant au mieux un aspect du monde réel. Le monde réel est un système particulièrement complexe à représenter de par les variables qui le composent (variables temporelles, spatiales...).

Nous pouvons citer comme référence les trois définitions suivantes qui correspondent au mieux à notre approche :

1. A. Pavé [178] : « Un modèle est une représentation symbolique de certains aspects d'un objet ou d'un phénomène du monde réel. »
2. J. Ferber [99] : « Un modèle, en science, est une image stylisée et abstraite d'une portion de la réalité. »
3. Minsky [164] : « Pour un observateur B, un objet A^* est un modèle d'un objet A dans la mesure où B peut utiliser A^* pour répondre aux questions qu'il se pose sur A ».

Des deux premières définitions, il ressort que chaque individu a sa propre représentation du monde réel. La dernière définition est très utilisée tant dans des mémoires de thèses que dans des habilitations à diriger des recherches en modélisation. Pour Minsky le modèle doit être en mesure de nous apprendre de nouvelles choses sur le système modélisé. Selon P. Coquillard et D. Hill [73], « un modèle doit être d'une part maniable et d'autre part juste ou pertinent ».

Un modèle est le point d'arrivée d'un processus de modélisation qui se décompose en deux phases :

- Une phase de mise au point d'un système formel qui a pour objectif de décrire une réalité observée en fonction des objectifs que se fixe la modélisation. Il s'agit donc d'une étape dirigée par les objectifs poursuivis qui permet d'arriver à la description formelle du système à modéliser, au sens de la théorie des systèmes. Le modélisateur a aussi parfaitement défini les frontières du système, ses interactions avec son environnement, sa structure interne, les variables qui le caractérisent (variables d'état) ainsi que les paramètres qui définissent les relations entre ses composants.
- Une phase de sélection de modèle parmi la famille de tous les modèles utilisables qui est dirigée exclusivement par des critères d'opérationnalité. En d'autres termes, on choisit le modèle que l'on considère le mieux adapté pour rendre compte du système formel décrit

à l'étape précédente et pour le confronter à des données issues du monde réel.

Notons qu'il existe deux différents types de modèles : les modèles ayant pour objectifs de prédire un évènement futur appelés « modèles prédictifs » et ceux qui, au contraire représentent des données historiques appelés « modèles descriptifs » comme par exemple celui de D. Puzin et A.J. Valleron [185]. La modélisation est utilisée dans divers domaines tels que la chimie [50], la physique [47], les mathématiques appliquées et les sciences de la vie. . . Les modèles physiques sont les premiers à être utilisés dans le domaine scientifique.

A la suite de la conception du modèle, ce sont les simulations qui vont permettre de répondre aux questions posées sur le système modélisé. La modélisation est devenue de nos jours un outil incontournable pour évaluer un problème de santé public que ce soit dans le cas d'une maladie contagieuse ou non contagieuse.

Dans notre cas, nous souhaitons modéliser une épidémie. Les épidémies existent depuis longtemps mais c'est en 1760 que D. Bernoulli a introduit remarquablement la modélisation en épidémiologie de manière à prévenir la variole qui était à l'époque une maladie meurtrière [35]. En 1927, W.O Kermack, médecin en santé publique et A.G McKendrick, biochimiste, ont mis au point un modèle simple de propagation des épidémies [52]. En 1979, les modèles épidémiologiques ont été développés par Anderson et May [6, 159].

La modélisation épidémiologique doit permettre de comprendre des phénomènes sociaux en se basant sur la régularité de certains phénomènes collectifs malgré la diversité et la complexité individuelle.

Divers modèles ont été créés dans le but de modéliser des situations épidémiques. Prenons l'exemple de la modélisation du SIDA en Guyane française où M. Sobesky et al. se sont basés sur deux types de scénarios relatifs à l'hétérogénéité de la population (haïtienne ou non), l'un pessimiste et l'autre optimiste [205] ou encore une approche où un modèle explicatif est utilisé par DoE [147].

Dans le cadre de la modélisation d'une épidémie, il existe différents types de modèle. Par ordre croissant de complexité, nous avons les modèles suivants :

1. SI
2. SIS
3. SIR
4. SIRS
5. SEIR
6. SEIRS

Le modèle SI est donc le modèle le plus simple. Il est considéré qu'un individu traverse deux phases durant la période épidémique. Il est susceptible (S) puis il est infectieux (I). En

épidémiologie, un individu susceptible est une personne saine apte à contracter la maladie. Un individu est dit infectieux lorsqu'il peut propager autour de lui l'agent pathogène. Dans le cas d'un modèle de type SI, les chercheurs émettent une hypothèse forte : dès qu'un individu susceptible entre en contact avec un individu infectieux, il devient de suite infectieux.



FIGURE 1.4 – Le modèle SI.

Le modèle SIS est tel que : l'individu est susceptible (S) puis il est infectieux (I) et ensuite il redevient susceptible (S) et il peut, durant la période épidémique, redevenir infectieux.



FIGURE 1.5 – Le modèle SIS.

Dans [130], W.H. Hethcote et P. Van Den Driessche proposent un modèle SIS englobant les naissances, les mortalités naturelles, celles liées à la maladie et une structure démographique exponentielle. Dans ce modèle, les auteurs prennent en compte un délai pour la période infectieuse et considèrent que la taille de la population est variable. Ils émettent l'hypothèse que la période infectieuse est constante pour tous les individus. Le choix de faire varier la taille de la population se justifie du fait que les processus épidémiologiques et démographiques interagissent et entraînent de nouveaux comportements qui n'apparaissent pas lorsque la taille de la population est constante. Dans le cas du modèle SIS, un délai et la variation simultanée de la taille de la population conduisent à des solutions périodiques où le rétablissement est proportionnel au nombre d'infectieux. Toutefois, les modèles considérant un délai sont plus stables.

Dans le cas du modèle SIR, l'individu est susceptible (S) puis il est infectieux (I) et ensuite il dispose d'une immunisation (R) permanente c'est-à-dire l'immunisation est valable durant toute la période épidémique.



FIGURE 1.6 – Le modèle SIR.

Dans [212], les auteurs S. Towers et Z. Feng souhaitent prédire la trajectoire de la pandémie de la grippe H1N1 et déterminer l'efficacité de la campagne de vaccination aux Etats-Unis. Ils

utilisent un modèle de type SIR basé sur des données réelles provenant de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) et du Centre de prévention et de contrôle des maladies des Etats-Unis (CDS US). Ils prennent en compte les effets de la campagne de vaccination et une immunité est acquise deux semaines après la prise d'une dose de vaccin ce qui entraîne une diminution du nombre d'individus susceptibles. Ils supposent que 100 % de la population vaccinée obtient une immunité suite à la prise du vaccin. Leur modèle compare l'évolution de l'épidémie d'une part sans la prise de vaccins puis avec la prise du vaccin. En tenant compte de la campagne de vaccination, le modèle prédit une réduction de 6 % du nombre total de personnes infectées à la fin de l'année 2009. Une des failles de ce modèle est que la force du virus de la grippe n'a pas été étudiée et de plus, les auteurs émettent une hypothèse forte où 100 % de la population vaccinée obtient une immunité.

Le modèle SIRS est tel que l'individu est susceptible (S) puis il est infectieux (I) et dispose ensuite d'une immunisation (R) temporaire puis il redevient susceptible. Dans ce cas, l'immunisation est valable pour une courte durée durant la période épidémique.

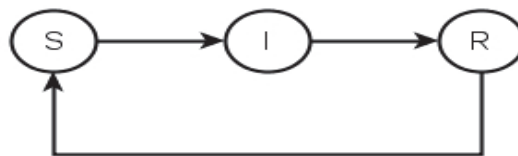


FIGURE 1.7 – Le modèle SIRS.

Le modèle SEIR est tel que l'individu est susceptible (S) puis il est infecté (E) mais pas infectieux. Par la suite, il devient infectieux (I) et dispose d'une immunisation permanente (R). La période latente est donc considérée comme une variable non négligeable.

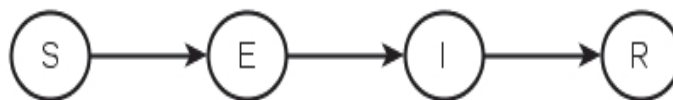


FIGURE 1.8 – Le modèle SEIR.

Dans le cadre de la modélisation dans l'article [14], les auteurs J. Arino et al. utilisent un modèle de type SEIR qui caractérise l'évolution de l'état de l'infection qu'un membre d'une espèce peut être amené à traverser durant la période épidémique.

La période latente ou la période d'incubation est la période en unité de temps durant laquelle un individu susceptible contracte le virus et devient infectieux. L'individu est infecté mais il ne transmet pas encore l'agent pathogène. Cette période varie en fonction de l'âge de l'individu. Pour un adulte, on observe une moyenne de deux jours environ. L'individu est infectieux 24 heures avant l'apparition des symptômes jusqu'à 5 voire 10 jours après le début de la maladie [148]. S'il s'agit d'un enfant, il est infectieux très tôt et la durée de celle-ci est longue [127].

Les enfants peuvent être contagieux durant plus de 10 jours.

Dans [224], Z. Zhao et al. utilisent un modèle de type SEIR ayant un délai qui est la période latente et un taux d'incidence non linéaire. Ils concluent que la période latente et la vaccination massive ont un effet sur l'éradication de l'épidémie.

Flahaut et al., dans [106], utilisent un modèle stochastique de type SEIR dans le but d'analyser la diffusion de la pandémie A (H1N1) dans 52 villes.

A la différence du précédent, le modèle SEIRS permet à l'individu de disposer d'une immunisation temporaire et de traverser ces diverses phases durant la période épidémique.

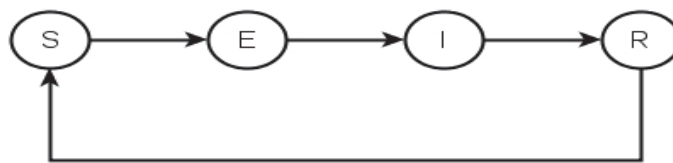


FIGURE 1.9 – Le modèle SEIRS.

C'est le modèle le plus complexe de tous ceux présentés ci-dessus. Dans ce type de modèle, deux délais sont considérés : l'un concernant la période latente, l'autre concerne la durée où un individu est immunisé. Nous pouvons citer quelques exemples de modèles épidémiologiques de type SEIRS [135, 165, 153, 72, 225]. Dans [135], les auteurs J. Jiao et al. concluent qu'une vaccination massive ou encore une courte période de vaccination effectuée de manière périodique peut permettre d'éradiquer la maladie.

Les auteurs B.K. Mishra et D.K. Saini dans [165] ont cherché à étudier et comprendre différentes maladies infectieuses puis ils ont développé un modèle mathématique, basé sur un système d'équations différentielles, permettant de représenter le comportement de ces maladies infectieuses. Ce modèle était principalement dédié aux virus liés au réseau Internet.

Dans [153], M.Y. Li et al. se sont penchés sur les problèmes de stabilités globales pour les modèles épidémiologiques de type SEIRS.

Dans [72], K.L. Cooke et P. Van Den Driessche procèdent à l'analyse d'un modèle épidémiologique de type SEIRS où la structure démographique suit une loi exponentielle, la période latente et la période où on conserve l'immunité sont des constantes. Les temps d'attente au sein de chacune des classes S, E, I, R suivent aussi une loi exponentielle. C'est pourquoi ils utilisent des systèmes d'équations différentielles.

Au sein de sa thèse [225], P. Zongo a cherché à modéliser la dynamique de la transmission du paludisme. Pour cela, il a considéré un modèle de type SEIRS pour les humains et un modèle de type SEI pour les moustiques, principaux vecteurs de la transmission.

Le choix d'un modèle dépend essentiellement de la maladie épidémiologique que l'on souhaite étudier. Par exemple, dans le cas de la varicelle, un modèle de type SEIRS ne serait pas adapté puisqu'un même individu ne peut avoir à deux reprises la varicelle.

De plus, introduire des délais tels que la période latente et/ou la période où on conserve l'immunité dans des modèles dynamiques de population peut déstabiliser l'équilibre et conduire à des solutions périodiques par la bifurcation de Hopf [130].

Les modèles précédemment cités peuvent être soit statiques (orienté objet) soit dynamiques (orienté agent). Un modèle dynamique prend en considération les divers changements qui peuvent avoir lieu dans le système.

Par ailleurs, l'arrivée de la mondialisation au cours des années 70 a conduit certains chercheurs à tenter une approche plus fine dans leurs modèles. Il s'agit de l'intégration d'un facteur non négligeable à prendre en considération lors de la modélisation d'une épidémie : la « mobilité ». Sauf mention contraire, le terme « mobilité » est considéré au sens large. C'est donc la capacité pour un individu de se déplacer d'une zone géographique à une autre quelque soit le type de transport utilisé à savoir : avions, motocyclettes, trains, vélos, bateaux de croisière, tricycles, autocars, voitures...

Effectivement, il existe un risque non négligeable pour les voyageurs, de contracter de nouvelles pathologies pendant la durée du transport et de les propager dans des régions à leur arrivée [210]. Cela s'illustre assez bien par l'épidémie voire la pandémie de la grippe.

Soient deux zones géographiques A et B. Lors d'une épidémie, les conséquences de l'emprunt des moyens de transport peuvent être les suivantes :

- L'agent pathogène peut être contracté dans la zone A puis, par l'intermédiaire de l'utilisation d'un moyen de transport, l'agent est introduit dans la zone B.



FIGURE 1.10 – Acquisition de l'agent pathogène dans la zone A.

- L'agent pathogène peut être contracté dans la zone B.



FIGURE 1.11 – Acquisition de l'agent pathogène dans la zone B.

- L'agent pathogène peut être contracté au cours du transport et donc, il peut être transmis lors de l'arrivée dans la zone B. Ce cas sous-entend que l'individu n'utilise pas un moyen

de transport où il est isolé. Autrement dit, lors de l'utilisation du moyen de transport, il est en contact avec d'autres individus.



FIGURE 1.12 – Acquisition de l'agent pathogène au cours du transport.

Beaucoup d'épidémies de grippe ont été observées dans des groupes de voyageurs tels que les voyages en groupes, les pèlerinages, les transports aériens et maritimes ... Toutefois, l'incidence de la grippe parmi les affections respiratoires du voyageur reste assez mal connue [59, 57]. Dans la littérature actuelle, il n'existe pas d'étude estimant de manière précise l'incidence de la grippe chez le voyageur soulignent S. Ansart et E. Caumes [11]. Cependant, la grippe constitue un risque mieux évalué parmi les infections respiratoires aiguës observées au retour du voyage [11]. Mais, les voyageurs ont tendance à sous-estimer l'incidence de la grippe car la période d'incubation c'est-à-dire la période latente est assez courte et sa contagiosité est forte [190]. J.M. Miller, T.W.S. Tam et al., dans [163], affirment que la grippe est responsable d'épidémies chez les personnes à risque définies comme étant les personnes âgées, les patients porteurs d'affections cardio-vasculaires, les patients atteints d'insuffisances respiratoires chroniques. Dans cet article [163], J.M. Miller, T.W.S. Tam et al. soulignent que l'équipage d'un bateau est un réservoir épidémique et une source de transmission non négligeable chez les personnes âgées à risque en milieu clos. C'est pourquoi, le troisième âge, groupe particulièrement à risque, augmente d'autant plus sa possibilité de contracter un agent pathogène en effectuant un voyage sur un bateau de croisière. Le résultat est identique dans le cas d'un voyageur potentiellement à risque élevé ou d'un individu à risque se déplaçant dans une zone où l'offre sanitaire est déficitaire.

Selon P. Lepine, la rapidité des transports aériens a multiplié dans des proportions considérables les risques de diffusion à distance des sujets contagieux ou en incubation de la maladie contagieuse [150].

Dans [70], V. Colizza et al. étudient le rôle du réseau des transports aériens dans le modèle de diffusion globale des maladies émergentes ainsi que la fiabilité des prévisions et des scénarios où la maladie débute en tenant compte de la transmission de la maladie de façon aléatoire et des flux de mobilité. Ils utilisent un modèle épidémique stochastique incluant les bases de données de l'association des transports aériens internationaux. Ce modèle vise à étudier les connexions du réseau aérien et les caractéristiques stochastiques des dynamiques d'infection.

Dans [71], V. Colizza et al. utilisent un modèle épidémique stochastique de métapopulation considérant les données de flux de transport aérien sur des zones urbaines. Ce modèle leur permet de fournir l'évolution spatio-temporelle de la pandémie avec une analyse de sensibilité de niveau d'infectiosité du virus différent. L'utilisation thérapeutique à l'échelle mondiale de médicaments d'anti-viraux pourrait atténuer l'effet de la pandémie avec un taux reproducteur pouvant atteindre 1.9 la première année. Dans ce cas, ils démontrent que plus la stratégie est

coopérative, mieux on parviendra à contenir la maladie infectieuse dans toutes les régions du monde.

J.M. Epstein et al, dans [95], utilisent un modèle stochastique afin d'étudier la propagation de la pandémie de grippe, les effets de restrictions de voyage et la vaccination. Ils prennent en compte les coûts économiques qui peuvent survenir suite à une intervention. De plus, de ce modèle il ressort que réduire uniquement les voyages aériens internationaux engendrerait un petit retard au niveau de la propagation. En ajoutant à la restriction de transport aérien d'autres mesures, le retard pourrait être beaucoup plus long. Si de plus, divers pays se coordonnent pour l'établissement de mesures de contrôle, il peut y avoir une réduction significative du nombre de cas. Cependant, si les restrictions de voyage ne sont pas combinées avec d'autres mesures, cela peut induire une épidémie locale sévère.

A la suite de l'apparition du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) en 2003, D.M. Goedecke et al., dans [119], utilisent un modèle de type SEIR pour mettre en évidence l'impact du transport aérien sur la diffusion de l'épidémie. Ils parviennent aux mêmes conclusions. En effet, d'après leur modèle, la réduction du transport aérien engendre uniquement un léger retard au niveau de la propagation de l'épidémie. Toutefois, ce modèle fait ressortir que les mesures de restriction de voyage seules peuvent mener à une épidémie plus sévère. Ils précisent que le choix des villes a une importance capitale au niveau de la modélisation car il a une grande influence sur les résultats du modèle.

De même, Ferguson et al. [104] démontrent que réduire les vols aériens de plus de 90% ralentit la diffusion de l'épidémie mais ne réduit pas sa morbidité. D'autre part, cela génèrera un retard de six semaines au niveau du pic de l'épidémie sauf dans le cas où 99,9% du transport aérien est arrêté. Selon les travaux de M. Barthelemy [26], la réduction du trafic aérien même de 60% engendrerait une faible diminution du nombre de cas d'infection.

Les travaux de A.D. Cliff et P. Haggett [66], indiquent une pertinence de l'intégration des transports quotidiens (déplacements vers le lieu de travail, les écoles, les loisirs. . .) au sein d'une étude épidémiologique par rapport à une recherche mêlant l'utilisation des transports aériens ou des réseaux régionaux terrestres.

Une étude réalisée par Beaujouan et al. [29] suite à une épidémie de bronchiolite en Ile De France fait ressortir que durant les vacances scolaires, l'épidémie régressa. Puis, à la reprise des cours, on observe une augmentation du nombre de cas. En 2007, à la fin des vacances scolaires, une grève des transports débuta. Cela a eu pour conséquence d'accentuer la diminution du nombre de cas. Il semble qu'il y ait une corrélation entre le transport en commun et l'évolution de la grippe.

E. Daudé et E. Eliot [75] attestent que la mobilité reste un des facteurs clés de la transmission d'un agent pathogène dans le cas des maladies épidémiologiques contagieuses. Dans cet article, ils ont souhaité connaître le rôle de la mobilité dans la diffusion d'une épidémie. En effet, d'après les travaux de M. Smallman-Raynor et A.D. Cliff [203] portant sur l'étude

de la diffusion de l'épidémie de la fièvre typhoïde dans un camp militaire lors de la guerre hispano-américaine en 1898, il ressort qu'il existe bien une relation entre l'aspect de mobilité et la diffusion d'une épidémie transmissible.

Dans l'article de E. Eliot et E. Daudé [93], il s'agit d'étudier la propagation des épidémies au sein d'une ville. Pour cela, ils considèrent trois types de mobilités (se référer à la figure 1.13) :

- La mobilité circulaire. Il peut s'agir d'un déplacement de type domicile-lieu de travail.
- La mobilité avec arrêt.
- La mobilité itinérante.

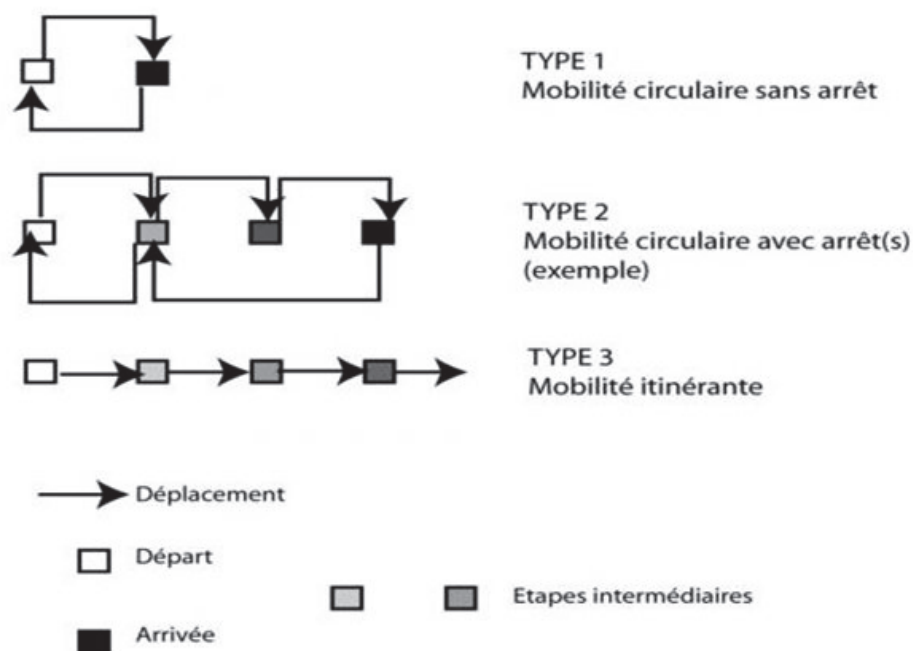


FIGURE 1.13 – Les trois de types de mobilité d'après M. Smallman-Raynor et A.D. Cliff [203].

La simulation de ce modèle est basée sur un système multi-agent. Elle fait ressortir qu'une épidémie se propage beaucoup plus rapidement dans une ville faiblement connectée. Cela est confirmé également par E. Daudé et E. Eliot dans l'article [76] où ils soulignent que les agents (individus) se déplaçant le plus sont ceux qui contaminent le plus et qui sont potentiellement les plus contaminés.

Par ailleurs, dans les zones tropicales, les voyages en groupe, les pèlerinages, les transports aériens et maritimes favorisent le fait de contracter une pathologie infectieuse.

Suite à une étude faite par N.A. Habib et R.H. Behrens [126], il ressort que les épidémies virales dans les tropiques varient considérablement avec des pics de fréquence lors de périodes peu humides et très chaudes avant la saison des pluies.

On constate donc la nécessité de tenir compte des facteurs environnementaux qui peuvent subsister lors d'une épidémie. En effet, des travaux de J.C. Desenclos [82], il ressort que la compréhension de la dynamique des infections et leur capacité à évoluer et « émerger » sous une forme nouvelle ou inhabituelle nécessite de prendre en compte le problème dans sa dimension globale : l'agent infectieux, son environnement, l'hôte humain ou animal et surtout les interactions existantes entre ces trois éléments fondamentaux.

D'après les travaux de J.C. Desenclos [83], la transmission d'un agent pathogène par voie aérienne est l'un des modes de transmission des agents infectieux. Dans le cas de la grippe, la transmission d'un agent infectieux peut être à la fois directe (d'un individu infectieux à un individu susceptible), indirecte (d'un objet infecté à un individu susceptible) et par voie aérienne (généralement par voie respiratoire).

Ainsi, on peut constater que l'environnement joue un rôle important dans l'étude d'une épidémie. C'est pourquoi, des chercheurs se sont intéressés à prendre en compte cette variable, et notamment le climat, au sein de leur modèle [166, 62, 36, 150, 116].

Dans [36], selon J.P. Besancenot, beaucoup de maladies infectieuses dépendent des conditions météorologiques et du climat. De plus, l'étude réalisée par P.T. Nastos et A. Matzarakis [171] fait ressortir que plus la température et la masse de vapeur d'eau contenu dans l'air augmentent, plus le nombre de consultations liées aux infections respiratoires aiguës diminue.

Il semble que les variations climatiques dues aux changements des saisons jouent un rôle dans l'éclosion des foyers endémo-épidémiques [150]. Effectivement, le froid a tendance à favoriser le développement de la grippe.

La formation d'une épidémie nécessite simultanément une population sensible et des conditions météorologiques telles que l'humidité, le printemps précoce, la température ... [150]. En effet, les épidémies de grippe débutent dans les collectivités d'enfants [1]. De plus, la formation de l'épidémie requiert une probabilité supérieure à une chance sur deux que le vecteur soit en contact avec un individu susceptible.

L'introduction d'un nouveau agent pathogène dans une population n'ayant jamais rencontré cet agent produit des effets dévastateurs. A l'inverse, l'apparition d'un même virus au sein d'une zone géographique engendre une diminution de la force du virus ce qui réduit l'impact au niveau de la population. De manière générale, les grandes épidémies de grippe proviennent de l'extrême orient [150].

M. Gilbert et al. [116] analysent l'impact du changement climatique sur l'écologie des virus de la grippe aviaire. Ils spécifient que l'influence directe que les facteurs environnementaux exercent sur la transmission et la persistance du virus de la grippe aviaire présente de nombreuses inconnues d'où l'incapacité d'en émettre des hypothèses.

Au regard de la multiplicité des souches virales existantes dans le cas de la grippe (Hémag-

glutinine : H_1 à H_{16} , Neuraminidase : N_1 à N_9 , ...), la grippe reste un des fléaux épidémiques les plus difficiles à contrôler. En effet, des travaux récents de A. Vabret et al. [213] portant sur l'analyse de la grippe saisonnière, il ressort que les problèmes les plus complexes de l'épidémiologie de la grippe sont liés à la variabilité des virus grippaux. L'obtention d'une immunité vis-à-vis de la grippe est donc quasiment impossible. La variété de ses couches implique des difficultés de mise en œuvre de la vaccination. Les vaccins existants ne sont pas toujours adaptés aux différentes souches virales d'où la possibilité d'avoir de nouveaux vaccins chaque année. De plus, la vaccination anti-grippale n'est pas toujours suffisante pour éviter une épidémie locale.

D'après une étude réalisée par l'institut de veille sanitaire (InVS) [88], la vaccination dès le début de la pandémie est la mesure la plus efficace. Mais, étant donné que ce modèle est statique, l'impact des interventions effectuées au cours de la pandémie n'est pas considéré.

Comme nous pouvons le constater à travers l'ensemble des travaux épidémiologiques citées précédemment, certaines études portent sur la diffusion, incluant parfois l'aspect environnemental voire climatologique, la mobilité, la spatialité et d'autres cherchent à tirer profit des épidémies survenues dans le passé afin de pouvoir anticiper les mesures à prendre lors des prochaines épidémies (détection du virus grippal, efficacité des mesures prises...) comme par exemple [192, 58, 191, 67, 68, 109].

Effectivement, la détection d'un virus grippal n'est pas toujours très évidente. Cela l'est encore moins chez les enfants en bas âge. Or, cela est particulièrement ennuyeux puisque c'est principalement les enfants qui ont tendance à propager le plus l'agent pathogène. Cependant, il existe des tests de diagnostic rapide de la grippe qui peuvent être utilisés à partir de l'âge d'un an. Ces tests doivent être administrés avant les 48 heures suivant l'apparition des symptômes. Dans l'article [67], R. Cohen et al. traitent de l'impact de ces tests en ville au niveau de la prise en charge des enfants en période de grippe. Ces tests ne sont pas utilisés par l'ensemble du service médical et de plus, leur utilisation massive entraînerait un coût substantiel.

Dans [39], P.Y. Boëlle analyse la récurrence des maladies épidémiques transmissibles d'un individu à un autre. Il est établi, qu'à ce jour, il n'existe pas de théorie expliquant la multitude des apparitions des épidémies.

Dans [68], S. Cohuet et al. font une analyse des enseignements à tirer suite aux six premiers mois de la pandémie de grippe A(H1N1) en 2009. Il en ressort que le pic épidémique a été atteint en quatre à six semaines. Ce pic a été plus étroit et deux à trois fois plus élevé que celui observé lors des dernières épidémies saisonnières de grippe. Cela a pour conséquence de saturer les services de soins intensifs. Ainsi, on a pu constater en Australie et en Argentine une saturation temporaire de leur système de soins.

En juin 2009, C. Fraser et al. [109] analysent les débuts de la grippe A (H1N1). Ils disposent des premières données sur la diffusion internationale provenant du Mexique et d'autres pays. Ils souhaitent déterminer l'évolution de la transmission de l'épidémie et sa virulence. Ces don-

nées épidémiologiques ont permis de répondre à certaines inquiétudes concernant l'origine, la mesure, la contagiosité et la virulence de la pandémie. Ils précisent qu'il est difficile de prédire l'évolution de l'épidémie ainsi que sa virulence. Toutefois, les organismes de santé publique doivent poursuivre les collectes de données épidémiologiques car cela permettrait de tester les divers modèles sur de réelles données ce qui aura pour impact de juger de la qualité du modèle d'une part et d'autre part, cela permettra de répondre à de multiples questions laissées inertes.

J.C. Rhodes et R.M. Anderson, dans [191], font une étude spatio-temporelle de la propagation d'une épidémie au sein d'une population hôte. Ils utilisent pour cela un modèle épidémiologique stochastique de type SIR basé sur une approche de « treillis ». Le choix de cette approche est justifié du fait de la simplicité du modèle de propagation de la maladie puisqu'il s'agit de la modélisation d'une simple maladie infectieuse non mortelle. Dans ce modèle, ils considèrent un taux de contact par rapport à l'âge, des sous-groupes avec des mobilités différentes et une population hôte distribuée de manière aléatoire. Le but de leur travail est d'étudier la prévalence et la propagation de l'épidémie à partir d'un individu infectieux. Ils considèrent deux densités de population minimum : l'une permettant l'émergence d'une épidémie, l'autre permettant la perpétuation de l'épidémie. Ils s'intéressent au développement de l'épidémie et à l'impact de la vaccination. Ils démontrent comment la vaccination d'une quantité importante de personnes susceptibles peut permettre d'éradiquer la maladie.

Suite à une étude faite par B.J Coburn et al. [39], il ressort que la pandémie de la grippe A (H1N1) peut être contrôlée s'il y a une collaboration entre les pays riches disposant de vaccins et les pays pauvres n'en disposant pas. En modélisant la transmission à travers plusieurs espèces différentes, il peut être possible de prévoir l'apparition de souches pandémiques de la grippe.

Plus récemment, Fabrice Carrat et al. [58] se sont intéressés à mettre en évidence l'impact des actions menées, telles que les vaccinations, les fermetures des écoles ou des lieux de travail, les mises en quarantaine... durant une période épidémique. Nous nous focalisons de plus près sur ce modèle dans la mesure où il correspond le mieux à notre problématique.

L'auteur établit deux modèles : l'un individuel qui présente les caractéristiques propres à un individu, l'autre un modèle commun qui détaille les caractéristiques d'un ensemble d'individus. Le modèle individuel est de type SEIR.

L'auteur considère trois paramètres élémentaires pour décrire les transitions entre les différentes étapes précédemment citées :

- Le taux de transmission d'une personne à une autre. Il varie en fonction de l'âge de l'individu susceptibles et de l'individu infectieux. Le taux de transmissibilité dépend également de la date de l'infection. F. Carrat et al., utilisent des fonctions de densité suivant une loi gamma pour générer la transmission inter-humaine.
- La longueur de la période de latence fixée à une demi-journée.
- La longueur de la période infectieuse.

La capacité d'infection varie en fonction du moment où on est infecté et est proportionnelle

au degré du virus répandu par l'individu infecté. Dans ce modèle, l'âge est un paramètre important dans la mesure où les enfants ont tendance à propager beaucoup plus rapidement le virus que les adultes et les personnes âgées.

En ce qui concerne le modèle commun, l'auteur forme son « petit monde ». Il génère un ensemble d'individus en fonction de leur âge, leur sexe et la taille de leur foyer. Chaque individu dispose d'une maison et d'un lieu de travail (école s'il s'agit d'enfants, travail...). De manière générale, il considère que les enfants sont formés à l'école de leur ville et 80% des adultes travaillent dans leur ville de résidence. Il modélise les rencontres entre les individus dans les divers établissements (école, lieux de travail...) par les graphes de Barabási – Albert. Le modèle de graphes de Barabási – Albert est un algorithme générant des graphes aléatoires de réseaux complexes ; il est fondé sur deux principes :

- La croissance du système : Plus la période de temps augmente, plus le nombre de nœuds dans le réseau, peu nombreux au départ, augmente.
- Le système préférentiel : Un nœud est connecté à un autre en fonction du degré du 2^e nœud. Ainsi, plus ce dernier sera élevé, plus un nouveau nœud préférera s'y connecter.

L'avantage de ce travail a été de montrer l'impact d'une vaccination massive. Cela étant, l'efficacité d'une campagne de vaccination dépend essentiellement de la durée de la période entre l'identification du premier cas et la date à laquelle la vaccination est faite. En effet, plus cette durée est courte, plus la vaccination est efficace. Plusieurs simulations ont démontré l'efficacité de la prévention par des traitements thérapeutiques. En combinant ce traitement avec un système de prévention, l'impact de la grippe est réduit au début. Néanmoins, ce modèle montre un certain nombre de limites.

Dans ce modèle, on peut noter qu'une répartition des individus est faite en fonction de leur âge. Seulement, l'auteur ne considère que trois tranches d'âges à savoir 0-18 ans, 19-65 ans et les plus de 65 ans. Or, il paraît judicieux de sectionner la tranche 0-18 ans. On a pu constater, dans le cas de la grippe A (H1N1) cette année, que diverses écoles avaient pu être fermées mais la répercussion fût moindre pour les lycées.

En second lieu, l'auteur ne prend pas en compte les différents modes de transport utilisés lors des déplacements de la population. Or, ce facteur nous semble pertinent dans le cas présent.

Enfin, l'auteur utilise comme outil de simulation les graphes de Barabási – Albert ce qui reste contestable dans la mesure où il s'agit de graphes purement aléatoires. Ce type de graphes reste assez contesté dans le cas de réseaux sociaux car ils ont tendance à omettre certains aspects du monde réel. D'autre part, travailler avec un graphe ne permet de prendre en compte qu'un type de relation entre individus. Les relations sociales sont beaucoup plus complexes que cela.

A travers ces articles analysant la diffusion de l'épidémie, on a pu constater que diverses méthodes statiques sont utilisées mais la notion de « mobilité » reste peu présente dans ces études.

Discussion globale des articles :

Afin de clore cette partie, nous allons mener une discussion globale concernant l'ensemble des travaux cités précédemment. La littérature développée dans cette partie concerne essentiellement des articles traitant des maladies infectieuses telles que la grippe, le SARS, la rougeole ... Ce thème, les maladies infectieuses, englobe une grande quantité de travaux réalisés par divers chercheurs. Nous avons choisi de nous concentrer sur des travaux portant sur la grippe.

Au cours de ces dernières années, les épidémies de grippe ont pris une place importante au sein de notre société. D'une part, on assiste chaque année à l'apparition d'une grippe saisonnière mais parfois, celle-ci peut se transformer assez rapidement en épidémie voire pandémie grippale. Notons tout de même que le virus n'apparaît pas de manière inopinée mais il existe dans la nature. Une fois que les facteurs le conditionnant sont réunis, le virus « se réveille » puis il « s'endort ».

Comme nous l'avons explicité ci-dessus, il existe de nombreuses souches de grippe (Hémagglutinine : H_1 à H_{16} , Neuraminidase : N_1 à N_9 , ...). Les combinaisons peuvent donc être multiples. C'est pour cette raison qu'il est difficile d'être immunisé d'une part, et qu'un vaccin anti-grippal n'est pas forcément adapté à une souche virale présente.

Au cours d'une même période, un même individu ne peut être infecté deux fois de la grippe à moins qu'il s'agisse de deux souches virales différentes. Un modèle de type SEIRS ne serait donc pas adapté pour traiter un virus grippal [245].

Grâce à la plupart de ces travaux, au sein de divers pays, il existe une multitude de mesures pour faire face à une épidémie ou pandémie. Toutefois, les effets de ces mesures sur la dynamique de l'épidémie sont moins bien connus. Ainsi, cette ignorance engendre des difficultés tant au niveau des priorités que des stratégies à adopter en cas de crise épidémique.

De plus, de la présentation des modèles faite ci-dessus, on peut constater que très peu de travaux s'intéressent à résoudre ces problèmes. Or, il ne suffit pas de connaître les mesures qui peuvent être efficaces mais surtout quand et comment les mettre en place. Autrement dit, la gestion de crise n'est pas un critère à négliger.

D'après les chercheurs Ferguson et al. [103] et Longini et al. [154], un foyer épidémique naissant peut être contrôlé si des mesures sont mises en œuvre rapidement en combinant la prophylaxie (processus de prévention de l'apparition ou de propagation de la maladie) avec une couverture élevée et la réduction des déplacements et des regroupements.

Par ailleurs, les travaux utilisant des modèles statiques sont peu fiables puisqu'ils sont par défaut figés et ne tiennent donc pas compte des évolutions pouvant intervenir au cours de la phase épidémique.

Dans la plupart des modèles, l'aspect de la mobilité n'est pas toujours pris en compte. Pourtant, il semble non négligeable surtout quand il s'agit d'utilisation de transport en commun pour

effectuer les trajets quotidiens (domicile - travail, loisir - travail, ...).

Aussi, il ressort d'après les études citées, que la diminution du transport aérien au cours d'une période épidémique entraîne un ralentissement de l'évolution de l'épidémie. Cela peut donc laisser du temps à la cellule de crise pour prendre les décisions nécessaires afin d'éradiquer au plus tôt la maladie. Cependant, cette mesure ne doit pas être prise seule puisqu'elle risque d'empirer le processus de propagation de l'épidémie.

Dans la partie suivante, nous allons nous concentrer sur les travaux concernant la gestion de crise.

1.2 La gestion de crise

Dans un premier temps, il est primordial de définir le terme de « crise ». Le mot « crise » est issu du mot grec « krisis » qui signifie « décision, jugement ». Selon le contexte présent, une crise est assimilée à une période difficile et inattendue qui peut engendrer d'énormes pertes humaines et/ou financières. Nous pouvons citer également les définitions suivantes puisqu'elles correspondent à notre approche :

1. Selon F. Le Pont et al., « une crise, tout comme un accident, est une perturbation qui affecte physiquement un système dans son ensemble, menace aussi les objectifs prioritaires d'une organisation et défie les comportements traditionnels et les valeurs partagées dans une organisation » [147].
2. D'après P. Mallet et P. Lions, « une situation de crise se caractérise par le dépassement d'un seuil de désorganisation des acteurs de la gestion de la crise » [156].
3. H. Boukachour et al. définissent la crise comme étant une « situation limite caractérisée par une rupture organisationnelle » [46].
4. « En concentrant son attention sur les manifestations visibles, C. Roux-Dufort définit une crise comme un accident, un événement contingent et singulier qui fait irruption dans l'organisation et le fonctionnement de l'entreprise et induit une perturbation, une tension et/ou du stress et finalement une rupture » [194].

Toute crise doit être traitée d'urgence afin de limiter les catastrophes sanitaires et économiques. Selon le coordinateur de l'Organisation des Nations Unies (ONU), la gestion d'une crise sanitaire nécessite au moins 990 millions d'euros. Ainsi, face à une telle apparition inopinée de l'agent pathogène où les conséquences peuvent être fatales, il est nécessaire de mettre en place une cellule de crise ayant pour objectif d'agir rapidement et le plus efficacement possible. Il s'agit d'organiser et de coordonner les efforts de plusieurs spécialistes provenant de disciplines différentes. Cette cellule de crise va être amené à décider des mesures adéquates à mettre en place pour gérer au mieux la crise.

Il existe une cellule de veille sanitaire permanente à Genève qui est chargée de se renseigner sur le domaine dans la presse mondiale. L'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) recommande à chaque pays la mise en place d'un plan de lutte sanitaire comprenant des mesures barrières et une stratégie vaccinale et médicamenteuse. Dans ce cadre, l'OMS a mis en place un modèle dont ces différents pays doivent s'inspirer pour établir les mesures appropriées de lutte contre la pandémie grippale.

Il faut noter que la notion de « gestion de crise » a fait son apparition tardivement dans les mœurs et, plus précisément en 1970. C'est à compter de 1980 que ce terme fut intégré en France par Patrick Lagadec, spécialiste de la gestion du risque et de la gestion de crise [129].

La gestion d'une crise peut être défini comme étant l'ensemble des dispositions prises par un organisme permettant de faire face à celle-ci. Cette gestion s'effectue en trois étapes :

1. **Avant la crise :** Durant cette période, il faut être vigilant et surtout être en mesure de faire des simulations de manière à identifier le risque et anticiper les faits. Comme le stipule P. Lagadec : « les crises de demain sont souvent le refus des questions d'aujourd'hui » [143]. Sachant que nul n'est à l'abri d'une contamination et ce, quelque soit son milieu social (artisans, ingénieurs, infirmiers, politiciens...), il est important de faire une bonne campagne de communication. Il est clair que plus la population sera bien informée et mieux sera gérée la crise. Il peut être nécessaire de se référencer à la loi du 13 août 2004 et/ou aux décrets sur les préparations des crises.
2. **Pendant la crise :** C'est une étape importante où il faut :
 - Évaluer le risque.
 - Connaître en temps réel les flux du danger. C'est un très bon indicateur.
 - Limiter les impacts car les conséquences peuvent être funestes si les décisions ne sont pas prises au bon moment.
3. **Après la crise :** C'est l'étape d'apprentissage qui nécessite la traçabilité de l'ensemble des actions entreprises durant la période de crise. Elle permettra de juger de l'efficacité des mesures prises afin de mieux préparer les situations de crises pouvant subvenir dans le futur.

Certains chercheurs ont souhaité développer des modèles ciblant cette approche de gestion de crise [143, 78, 128, 194, 46, 129]. Dans [128], G. Hechmati a proposé un système d'information établie sur Excel qui a pour but d'aider le décideur en santé publique. L'auteur s'est limité au canton de Genève et se base sur des données existantes. Bien qu'il tienne compte de la taille du personnel soignant, le système proposé nécessite une mise à jour permanente et n'intègre pas les flux de déplacement.

Quelques outils de simulations ont également été créés dans le but d'améliorer la gestion de crise comme par exemple [197] et [198]. En général, ces outils de simulations utilisent soit un système multi-agent, soit un système d'information géographique ou encore le couplage des deux.

Cependant, la validation d'un modèle n'est pas systématique dans la mesure où le recueil de données épidémiologiques n'était pas toujours réalisé et les données existantes ne sont pas toujours accessibles. Pour remédier à cela, depuis 2006, les chercheurs disposent principalement de deux bases de données mondiales.

Des simulations de pandémies grippales sont parfois faites au sein de divers pays mais l'inconvénient majeur c'est qu'elles n'intègrent pas la population alors que celle-ci est au centre du phénomène de contagion.

Aux Etats-Unis, grâce aux centres de contrôle et de prévention des maladies (CDC US), il existe une liste des mesures accessible à tous visant à aider à la gestion d'une crise. Plusieurs scientifiques américains utilisent les systèmes d'informations géographiques pour suivre l'évolution spatiale du virus grippal.

Toutefois, peu de chercheurs s'intéressent réellement à l'impact des mesures prises et surtout des combinaisons de ces mesures qui peuvent être les plus efficaces et les moins coûteuses. C'est pourquoi aujourd'hui encore on peut constater des failles au niveau des décisions prises. Prenons l'exemple de l'épidémie de *Pseudomonas aeruginosa*. A la suite de sa découverte, des mesures ont été prises rapidement pour éradiquer l'épidémie. Mais, après analyse, il a été constaté que la souche présente de *Pseudomonas aeruginosa* pour laquelle les mesures draconiennes et coûteuses ont été prises étaient différentes de la souche épidémique. Ainsi, la gestion d'une crise nécessite une analyse importante pour la détecter rapidement et mettre en place des mesures de prévention immédiatement [174]. Considérons le cas de la pandémie de grippe A (H1N1), on a pu constater en France que la gestion de la vaccination aurait pu être améliorée du point de vue de l'organisation de la vaccination massive mais aussi concernant le nombre de doses de vaccins achetées.

Le plus souvent, les auteurs s'intéressent à l'impact d'une mesure sur la crise [167, 114, 183, 173]. Dans l'article [167], A. Mongeat et al. s'intéressent au rôle d'une infirmière en santé publique. Ils spécifient que les résultats ont été concluants.

Aussi, les pouvoirs publics se doivent de réagir, c'est-à-dire de prendre instantanément les décisions adéquates permettant la réduction de la propagation de l'épidémie. Ces mesures prises dépendent entre autre de l'offre de soins fournie par le service médical au regard de l'ampleur de l'épidémie. La figure 1.14 ci-dessous est la représentation de l'offre de soin en fonction du temps. La saturation de l'offre de soin est représentée par la droite horizontale en caractère gras. Cette figure illustre deux situations différentes de propagation d'une épidémie. Dans les deux cas, le seuil de saturation du système de santé est atteint. Cependant, la durée des périodes est très différente, ce qui engendre ainsi des situations qui doivent être gérées différemment.

↔ : Période de saturation de l'offre de soin.

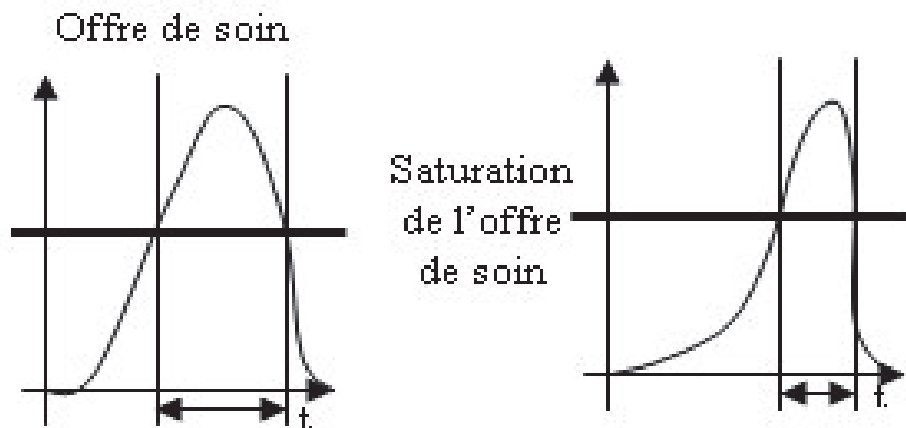


FIGURE 1.14 – Présentation de deux cas différents d'évolution d'une épidémie.

D'après la figure 1.14, on peut constater que la situation de droite est préférée à celle de gauche. La période où l'offre de soin est saturée y est la plus courte. La situation idéale serait de gérer au mieux l'épidémie afin ne pas franchir le seuil de saturation de l'offre de soin.

Ainsi, une épidémie peut être propagée très rapidement si les mesures nécessaires ne sont pas prises au sein de la cellule de crise au moment opportun.

Actuellement, les mesures existantes pour gérer une situation de crise sanitaire sont nombreuses :

- Fermeture des frontières.
- Arrêt des transports à usage public.
- Restrictions des déplacements.
- Annulation des soirées et animations nécessitant un rassemblement public.
- Fermeture des établissements scolaires.
- Une ou plusieurs campagne(s) de vaccination.
- Vaccination prioritaire des personnes dites à risque.
- Vaccination de toute la population.
- Port des masques (bien que leur efficacité ne soit pas encore certifiée).
- Fermetures des crèches.
- Fonctionnement des entreprises en mode dégradé.
- Isolement de certains patients.
- Utilisation des mouchoirs en papier.
- Lavages réguliers des mains.
- ...

D'après D. Pittet et al. dans l'article [181], l'hygiène des mains reste une des mesures les plus efficaces pour lutter contre la dissémination des bactéries à transmission manuportée.

Dans le cas d'une épidémie de grippe, il est recommandé aux personnels de santé de se faire vacciner afin de limiter la diffusion de l'épidémie [183, 173].

Suite à la comparaison des caractéristiques de patients atteints de grippe nosocomiale ou non dans un service de gériatrie, FB. Coles et al. confirment que la grippe peut se propager et atteindre une proportion importante de patients malgré une couverture vaccinale supérieure à 70% des patients [69].

La mise en œuvre de mesures visant à limiter la diffusion du virus en incluant l'utilisation d'oseltamivir chez les patients en contact avec d'autres patients atteints a permis de contrôler l'épidémie selon l'article [9] de A-G. Andrieu et al.

Dans l'article [206], la Société Française de Gériatrie et de Gérontologie signale l'importance pour les institutions regroupant des personnes âgées de disposer de matériels nécessaires pour mettre en place les premières mesures en cas d'épidémie (matériel pour le diagnostic rapide de la grippe, masque de protection, stock de tamiflu...).

La date de mise en action de ces mesures, le choix pertinent de celles qu'il convient de privilégier, et la durée de leur exécution sont les questions qui s'imposent avec la possibilité de les associer entre elles pour une meilleure gestion de la crise sanitaire.

A notre connaissance, il n'existe pas actuellement de modèle de gestion de crise permettant de répondre à l'ensemble de ces questions.

Par ailleurs, l'application de chacune de ces mesures n'est pas sans conséquence. Elle entraîne un dysfonctionnement dans la vie quotidienne de chaque individu (écoles fermées, transports en commun désorganisés, donc entreprises fonctionnant au ralenti...) et met à mal l'économie de la zone géographique considérée.

Notons qu'il existe deux types de mesures :

1. Mesures à caractère individuel
 - Le lavage fréquent des mains.
 - La vaccination.
 - Le port du masque de protection.
 - ...
2. Mesures à caractère collectif
 - La limitation des rassemblements collectifs.
 - La vaccination (être vacciné réduit la possibilité de contaminer autrui).
 - La désinfection des locaux.
 - ...

Pourtant certaines entreprises ne peuvent cesser leur activité (centrales nucléaires, personnels médicaux...). Ainsi, au sein des entreprises, la mise en place d'une cellule de crise peut être obligatoire [146]. C'est pourquoi en fonction du secteur d'activité, une entreprise peut être conduite à gérer une crise sanitaire s'il est question d'un agent infectieux transmissible d'humain à humain. Dans ce cas, les entreprises peuvent opter pour un fonctionnement en mode dégradé.

Le plan de continuité des activités (PCA) a été mis en place de manière à aider les institutions à fonctionner en mode dégradé. Il permet le maintien des activités dites sensibles et la protection de la santé du personnel.

Depuis Octobre 2004, le gouvernement français s'est muni d'un plan national de prévention et d'un plan de lutte contre une épidémie grippale de grande envergure. Les objectifs à atteindre étant de limiter la diffusion de l'épidémie, de ne pas saturer le système de soins, de sensibiliser le personnel médical, « d'organiser la continuité de l'action de l'État et de la vie sociale et économique dans un contexte dégradé ». Mais, ils présentent l'inconvénient d'être généraux, difficilement accessibles et peu compréhensibles pour la population. Des questions subsistent : Comment ces plans ont-ils été construits ? Sur quoi reposent-ils ? Comment ont-ils été validés ? Ont-ils fait l'objet de tests ?

De plus, lors de l'émergence d'une épidémie, les autorités font souvent appel aux étudiants du service médical. Ces derniers suivent-ils une formation adaptée ? Leur cursus a-t-il été modifié en conséquence ?

Discussion :

Actuellement, il subsiste de nombreuses incertitudes tant sur la gestion d'une crise que sur son origine mais il est tout de même nécessaire de mettre en place des actions qui puissent être efficaces dans le but de réduire au maximum la période de la crise.

Dans la partie précédente, nous avons mis en évidence certaines mesures pouvant être prises lors d'une épidémie : la mise en place d'une campagne de vaccination, la fermeture des établissements scolaires ou encore la diminution du trafic aérien en situation de crise épidémique, etc. Chacune d'elles peut permettre de réduire l'impact d'une épidémie voire d'éradiquer totalement la maladie. La mise en place de telles mesures, onéreuses par ailleurs, ne garantit pas l'efficacité des résultats qui sont tributaires des nombreux paramètres évoqués plus haut.

De plus, les chercheurs dans le domaine restent peu nombreux du fait de l'entrée tardive de cette notion de gestion de crise dans les mœurs et du manque de données. Or, l'élaboration d'un plan de gestion de crise fondé sur ce type de caractéristique et validé sur des données réelles permettrait de limiter les failles auxquelles les autorités sont confrontées.

Tout plan de lutte contre une propagation d'épidémie doit permettre la mise en place de mesures de contrôle :

- simples à appliquer

- rapides
- peu coûteuses
- souples (tenant compte de l'incertitude)
- fiables

Une pandémie est particulièrement complexe à gérer dans la mesure où elle comprend de nombreuses incertitudes : la date de l'émergence du virus, le lieu géographique où le virus va émerger, sa virulence, sa durée, sa mutation, l'apparition de la résistance aux anti-viraux... Aussi, les virus évoluent constamment ce qui a tendance à amplifier la tâche des décideurs.

La gestion de crise doit être améliorée de manière individuelle mais aussi collective. L'individu étant au cœur du système, il ne doit pas être mis à l'écart lors des exercices de simulation réalisés. De plus, il s'agit pour le décideur de prendre les décisions visant à maximiser au mieux les besoins vitaux de la population. Il est donc nécessaire de privilégier l'interdisciplinarité et de coordonner les actions.

Après avoir mis en lumière les difficultés rencontrés au sein de ce système, nous allons dans la partie qui suit, traiter des réseaux complexes.

1.3 Les réseaux complexes

D'après les parties précédentes, nous avons pu constater que plusieurs facteurs, dont certains sont incontrôlables, interviennent dans la gestion d'une pandémie. Ainsi, nous pouvons caractériser une pandémie comme étant un phénomène complexe. C'est pourquoi, pour comprendre son métabolisme, nous procédons à la modélisation de ce « réseau complexe » [23, 172, 38, 208, 149]. Ce dernier peut être défini comme un graphe de terrain où de nombreux individus sont en interaction. Les réseaux complexes permettent de mieux comprendre des phénomènes de propagation d'épidémies sur des réseaux hétérogènes. Ils peuvent également permettre de répondre à un certain nombre de questions non anodins : quels sont les nœuds importants du point de vue de la connexité ? Quel est le niveau de diffusion d'un nœud ? Quelle est la résistance d'un réseau c'est-à-dire lors de la suppression d'un certain nombre de nœuds, comment réagit le réseau ? Quel pourcentage de nœuds du réseau est requis pour observer un changement significatif dans la connexité du réseau ? Quels sont les nœuds les plus liés aux autres ? Quels sont les nœuds indispensables au bon fonctionnement du réseau ?...

Un « réseau » est un ensemble de points, appelés nœuds, en interaction avec d'autres points. Cette interaction est caractérisée par des arcs (respectivement des arêtes) si le graphe est orienté (non orienté). Dans la littérature mathématique, les réseaux sont aussi appelés « graphes ».

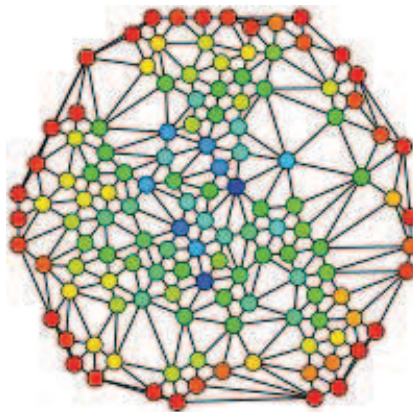


FIGURE 1.15 – Exemple d'un réseau (graphe non orienté).

Un réseau peut être illustré de la manière suivante où les nœuds et les arêtes peuvent représenter (se référer au tableau 1.1) :

Nœuds	Arêtes (arcs)
Aéroports	Existence ou non d'une connexion entre les aéroports.
Individus	Représentation des interactions sociales.
Molécules	Représentation des réactions chimiques.
Ordinateurs	Représentation des câbles du montage en réseau.

TABLE 1.1 – Caractérisation des nœuds et des arêtes (arcs).

En ce qui concerne une pandémie, on peut considérer un réseau de contacts où les nœuds peuvent représenter des sites et les arcs représentent la probabilité d'être contaminé. De manière générale, c'est le modélisateur qui, en fonction de ses besoins, définit les caractéristiques des nœuds et des arcs. La topologie c'est-à-dire la manière de concevoir le graphe (homogène ou hétérogène) est importante dans les réseaux. En épidémiologie, par exemple, les topologies des transports et des déplacements ont un impact direct sur la propagation de l'épidémie.

L'étude des réseaux est un des piliers des mathématiques discrètes. Il existe plusieurs types de réseaux :

- Les digraphes (figure 1.16 (a)) : graphes dont les arêtes sont orientées. On utilise aussi le terme de graphes orientés.
- Les hypergraphes (figure 1.16 (b)) : graphes où un ou plusieurs arêtes sont connectées à plus de deux nœuds.
- les graphes bipartis ou réseaux d'affiliation (figure 1.16 (c)) : graphes ayant deux types de nœuds et dont chaque arête a une extrémité dans chacun des types de nœuds. Ainsi, aucune arête n'est connectée à un même type de nœud.

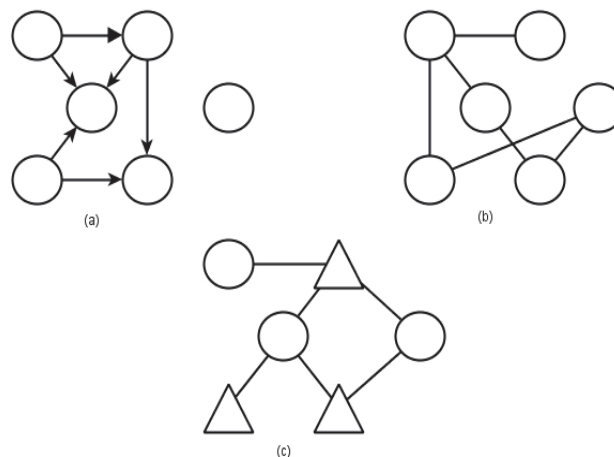


FIGURE 1.16 – Exemple de différents types de réseaux.

Les réseaux complexes englobent divers types de réseaux : P2P, les réseaux sociaux, de P2P, de télécommunication, routiers, électriques, de neurones, aériens...

Toutefois, dans le monde réel, on distingue quatre catégories de réseaux complexes :

- Les réseaux sociaux : ensemble de personnes ou de groupes de personnes ayant des schémas de contacts ou d'interactions entre eux [199, 216]. La figure 1.17 schématise un exemple de réseau social.

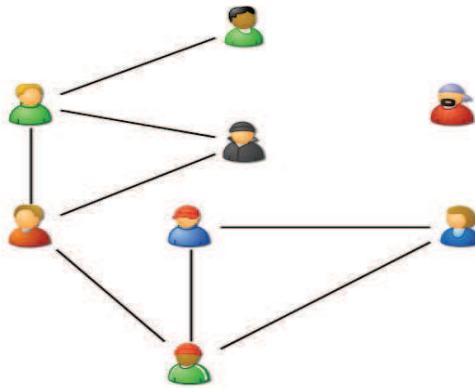


FIGURE 1.17 – Exemple d'un réseau social.

- Les réseaux d'informations (ou réseaux de connaissance) : L'exemple classique pouvant être cité est le réseau de citations entre papiers scientifiques (se référer à la figure 1.18). Chaque nœud caractérise un article et l'arête reliant l'article A vers l'article B spécifie que l'article A mentionne dans sa référence l'article B. On peut noter que dans ce cas, il n'y aura pas de circuit dans le graphe.

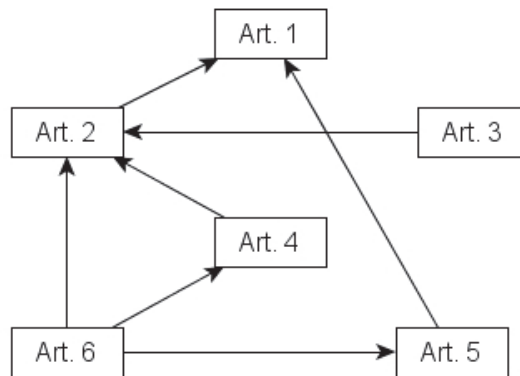


FIGURE 1.18 – Exemple d'un réseau d'informations : réseau de citations.

- Les réseaux technologiques : Ce type de réseau émane de l'homme. Il a été créé principalement pour la distribution de matières premières et de ressources. Nous pouvons citer des travaux traitant des réseaux technologiques tels que D.J. Watts et S.H. Strogatz [217], D.J. Watts [218]. . . D'autres travaux y ont intégrés les réseaux de transport à l'instar de L.A.N. Amaral et al. [4] pour le réseau aérien, G. Chowell [63] et al. pour le réseau pédestre, V.K. Kalapala et al. [137] concernant le réseau routier, P. Sen et al. [200] pour le réseau ferroviaire, . . .

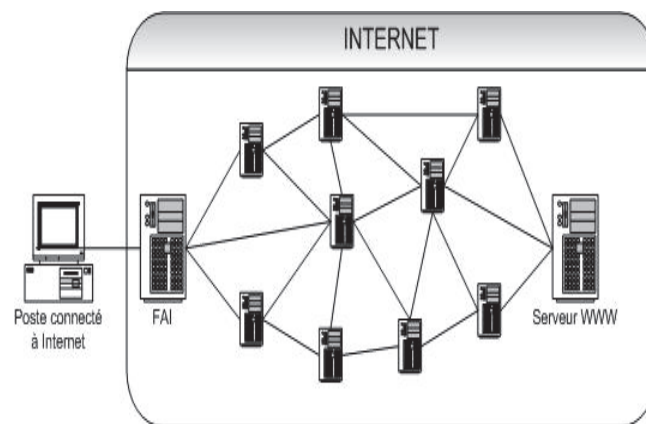


FIGURE 1.19 – Exemple d'un réseau technologique : réseau Internet.

- Les réseaux biologiques : Ce sont des réseaux d'éléments touchant au vivant. Nous pouvons citer les exemples de réseaux d'interactions entre protéines, de réseaux de régulation génétique ainsi que les travaux de H. Jeong et al. [133], J. Podani et al. [182], D.A. Fell et A. Wagner [98] qui portent sur l'étude des propriétés statistiques des réseaux biologiques.

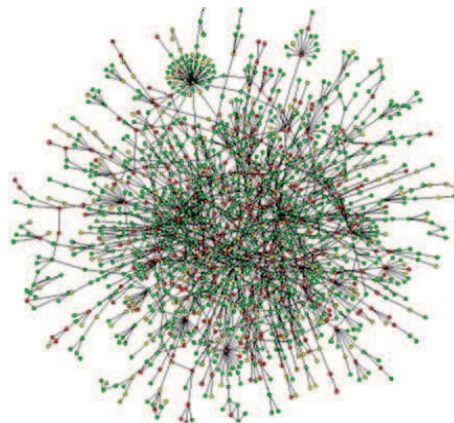


FIGURE 1.20 – Exemple d'un réseau biologique : réseau d'interactions entre protéines [134].

D'après notre sujet de recherche, l'étude des réseaux sociaux [160, 5, 79, 22] est le plus approprié dans notre cas. En effet, une épidémie se constitue à la suite de la transmission d'un virus pathogène entre plusieurs individus. De cela, il se dégage clairement que le réseau de contacts humains est au cœur du modèle. Ainsi, il est nécessaire de savoir comment modéliser les liens entre les individus d'où l'utilisation des réseaux sociaux. C'est pourquoi, la plupart des travaux qui suivent porteront principalement sur ce thème.

Dans un premier temps, nous allons donner successivement un certain nombre de définitions qui sont utilisées en théorie des graphes et qui sont nécessaires à la compréhension de notre modèle des réseaux stochastiques.

1.3.1 Définitions

Algorithme de routage : Un algorithme de routage a pour objectif de calculer le chemin d'un nœud source à un nœud destinataire. Le chemin spécifié par l'algorithme est dit chemin de routage.

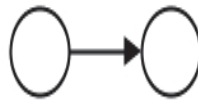
On dit que le routage est centralisé lorsqu'un nœud dispose de toutes les informations sur l'état du réseau. A tout moment, il est capable de calculer le chemin optimal entre deux nœuds. Toutefois, ce type de réseau comprend des limites car en cas de dysfonctionnement de ce nœud central ou lors de l'interruption d'une connexion entre ce nœud central et le reste du réseau, cela entraîne des répercussions sur la fiabilité et le bon fonctionnement du réseau.

Algorithme de routage décentralisé : un algorithme de routage est dit décentralisé si en chacun des nœuds du réseau il dispose des informations concernant :

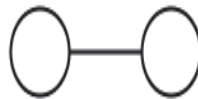
- le graphe sous-jacent,
- la position de la cible,
- la position de ses voisins locaux et longue distance.

C'est la latence et la longueur du chemin calculée qui permettent de juger de l'efficacité de cet algorithme. Les long contacts des nœuds non visités ne sont pas connus.

Arc : Un arc est une connexion entre deux nœuds dans un graphe orienté.



Arête : Une arête est un lien entre deux nœuds ou sommets.



Assortativité : L'assortativité ou l'attachement préférentiel se caractérise par la préférence de connections entre des nœuds de fort degré. Ainsi, les nouveaux sommets sont connectés aléatoirement aux sommets existants mais ils choisissent de se relier à un sommet existant ayant une probabilité p qui croît avec le degré du sommet. C'est pourquoi, plus un sommet a des voisins, plus il sera choisi préférentiellement. Pour calculer l'assortativité d'un graphe, on utilise la formule suivante :

$$k_{nn}(k) = \frac{\sum_i \delta(k_i - k) k_{nn,i}}{\sum_i \delta(k_i - k)}$$

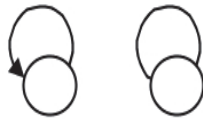
où k_i désigne le degré du sommet i et $k_{nn,i}$ désigne le degré de corrélation d'un sommet i .

Si $k_{nn}(k)$ est croissant, on dit que le réseau a un comportement assortatif. Dans ce cas, on constate que les nœuds fortement connectés sont reliés à d'autres nœuds fortement connectés. Cela peut s'illustrer par les réseaux sociaux (popularité) ou encore les gros sites reliés à d'autres

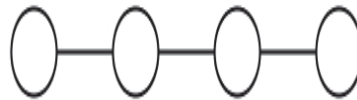
gros sites.

Si $k_{nn}(k)$ est décroissant, on dit que le réseau a un comportement non assortatif. Les nœuds fortement connectés sont reliés à des nœuds faiblement connectés. C'est le cas d'internet ou encore des gros sites reliés à des petits sites.

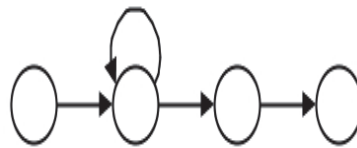
Boucle : Une boucle est un arc ou une arête sortant et arrivant sur le même nœud.



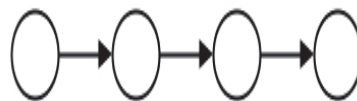
Chaîne : Une chaîne est une succession finie de nœuds connectés par des arêtes.



Chemin : Un chemin est une succession de nœuds reliés par des arcs dans un graphe orienté.

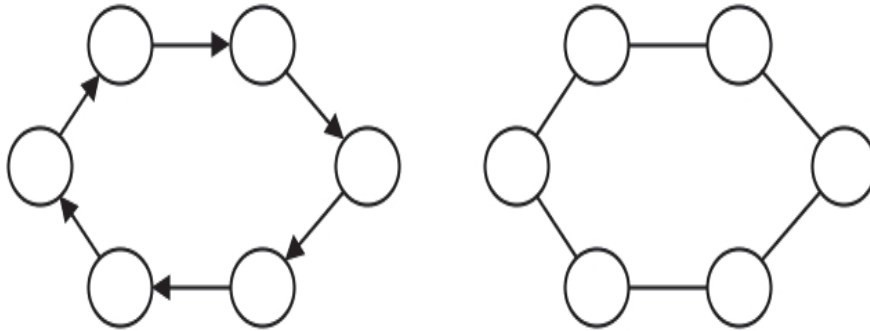


Chemin simple : Un chemin est dit simple quand chaque arc apparaît au plus une fois.



Chemin élémentaire : Un chemin est dit élémentaire quand chaque nœud apparaît au plus une fois.

Circuit : Un circuit est un chemin simple dont le nœud de départ est identique à celui de l'arrivée.



Coefficient de clustering : Dans ce rapport, nous conservons les termes d'origine anglaise « cluster », « clustering » et « coefficient de clustering » car leur traduction en français n'est pas très adaptée. Le coefficient de clustering mesure la densité locale d'un nœud. C'est la probabilité que deux voisins d'un même nœud soient voisins entre eux. Pour le calculer, on utilise la formule suivante :

$$C(u) = 2 \times \frac{|\mathbf{V}(u)|}{d(u) \times (d(u) - 1)}$$

où $\mathbf{V}(u)$ est le nombre d'arêtes (ou arcs) entre les voisins de u et $d(u)$ est le degré du nœud u .

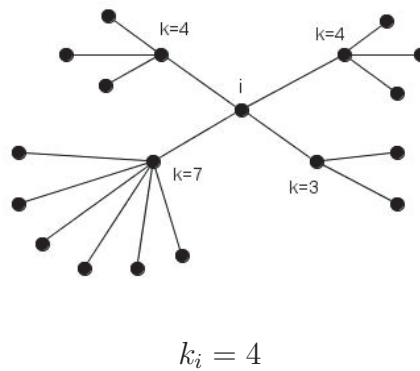
Degré d'un graphe : Le degré d'un graphe est le plus grand degré de tous ses nœuds.

Degré d'un nœud : Le degré d'un nœud c est le nombre de voisins que possède ce nœud.

Degré de corrélation : Le degré de corrélation d'un nœud est le degré moyen du nombre de voisins de ce nœud. Pour le calculer, on utilise la formule suivante :

$$k_{nn,i} = \frac{\sum_j a_{ij} k_j}{k_i}$$

où k_j désigne le degré du nœud j et $a_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } j \text{ est un voisin de } i \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$



$$k_{nn,i} = (3 + 4 + 4 + 7)/4 = 4,5.$$

FIGURE 1.21 – Exemple du calcul du degré de corrélation du sommet i .

Degré entrant d'un nœud : Le degré entrant d'un nœud est le nombre de voisin arrivant au nœud.

Degré sortant d'un nœud : Le degré sortant d'un nœud est le nombre de voisin issu d'un nœud.

Diamètre : Le diamètre d'un graphe est la plus grande distance entre deux nœuds.

Digraphe fortement connexe : Chaque nœud du graphe peut atteindre tous les autres en au moins un chemin.

Distance : La distance est la longueur de la plus courte chaîne ou du plus court chemin entre deux nœuds.

Graphe aléatoire : Un graphe aléatoire est un graphe engendré par un processus aléatoire.

Graphe augmenté : Un graphe est dit augmenté lorsque à un graphe initial on rajoute des arêtes.

Graphe non orienté : Un graphe non orienté est un graphe dont les arêtes ne sont pas orientées.

Graphe orienté ou digraphe : Un graphe orienté est un graphe dont les arêtes sont orientées.

Graphe régulier : Un graphe est dit régulier lorsque tous ses sommets sont de degré identique. Si ce degré est k , on dit qu'il est k -régulier.

K-cores : Le k -cores est le plus grand sous-graphe pour lequel chaque nœud est au moins de degré k .

Latence : La latence d'un algorithme de routage est le nombre maximum de nœuds visités ou interrogés durant le routage.

Nœud : Un nœud est un sommet d'un graphe.

Nœuds isolés : Les nœuds isolés sont des nœuds peu connectés.

Ordre d'un graphe : L'ordre d'un graphe est le nombre de nœuds constituant ce graphe.

Réseau : Un réseau est un ensemble de nœuds connectés entre eux par des arêtes ou des arcs.

Réseau complexe : Un réseau est dit complexe lorsque le comportement global des entités est différent de la somme des comportements de ses entités individuelles.

Réseau d'interactions : Un réseau d'interactions est un ensemble d'entité interagissant de façon individuelle.

Réseau hétérogène : Un réseau est dit hétérogène quand on observe des fluctuations au niveau des nombres de voisins des nœuds. La distribution des degrés suit une loi de Puissance. Les graphes hétérogènes sont la modélisation de la plupart des réseaux réels.

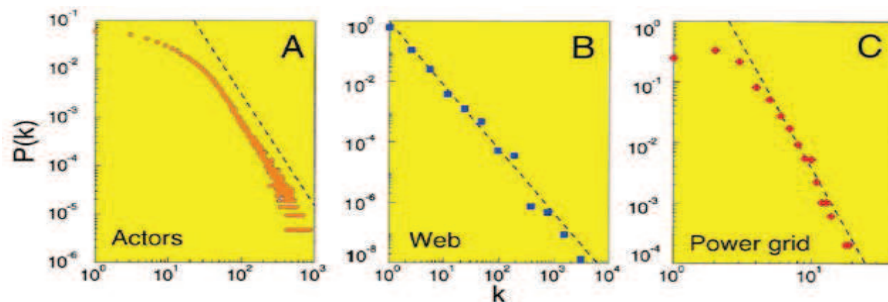


FIGURE 1.22 – Distribution des degrés de réseaux réels.

Réseau homogène : Un réseau homogène est un réseau dont le nombre de voisins de chaque nœud varie très peu autour d'une valeur moyenne. La distribution des degrés suit une loi de Poisson.

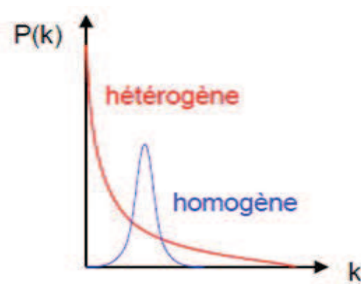


FIGURE 1.23 – Courbe des distributions des degrés.

Réseau ouvert : Un réseau ayant plusieurs connections faibles.

Supernœud : Un supernœud est un nœud très connecté. Autrement dit, son degré est très élevé.

Voisin : Le voisin d'un nœud x est le nœud connecté au nœud x .

Suite à l'établissement de ces diverses définitions, nous allons nous intéresser aux travaux réalisés dans le cas de la modélisation des réseaux complexes.

1.3.2 La modélisation des réseaux complexes

Origine

L'étude des réseaux complexes débuta à la suite de l'expérience du psychologue Stanley Milgram en 1967 [162].



FIGURE 1.24 – Photographie de Stanley Milgram.

Cette expérience consiste en l'envoi de courriers postaux d'une personne située au Nebraska à une personne cible résidant à Boston dont elle possède un minimum d'informations (nom, prénom, métier, ville) mais pas son adresse. L'expéditeur, se basant sur des directives, doit transmettre ce courrier à une personne intermédiaire de son choix. Celle-ci sera chargée de transmettre le courrier reçu à l'une de ses connaissances qui pourrait connaître le destinataire.

souhaité.

S. Milgram s'aperçoit que la longueur moyenne de la chaîne est faible par rapport au nombre de personnes vivant sur la planète. Cette longueur moyenne est évaluée à six « degrés de séparation ». Autrement dit, cette expérience met en évidence qu'à travers un réseau de connaissances professionnelles ou amicales, deux personnes qui ont une connaissance commune ont beaucoup de chance de se connaître.

La plupart des grands graphes ont un petit diamètre. Ainsi, le dicton « le monde est petit » semble s'appliquer d'où l'appellation de « graphes petit-monde ».

Cependant, cette expérience fut très critiquée car :

- Les moyens disposés à l'époque n'étaient pas suffisants pour vérifier une telle expérience.
- L'échantillon n'était pas restreint à un sous-groupe de population (acteurs...).
- Seule une faible quantité de lettres arriva à destination (5%).
- En fonction des caractéristiques sociales (richesse, ethnies...), les résultats diffèrent.

Mais, c'est suite à l'arrivée d'Internet que l'expérience de Milgram fut revalorisée. De nombreuses expériences du même type ont pu être effectuées mais, en somme, il résulte que la longueur moyenne de chaîne fut inchangée.

Les graphes aléatoires

1 : Le modèle de Erdős-Rényi

De manière générale, en faisant allusion aux graphes aléatoires, on fait référence au modèle de Paul Erdős et Alfred Rényi [96] qui est l'un des premiers modèles théoriques de réseau. Ils ont mis en place un modèle simple de réseau appelé $G_{n,p}$ ayant n nœuds avec la probabilité p d'être connectés l'un à l'autre et donc, une probabilité $1 - p$ de ne pas y être connectés. Il est défini de la manière suivante : « étant donné deux entiers n et m , le graphe à n sommets obtenu en tirant aléatoirement m paires de sommets qui formeront les arêtes » [124]. Plusieurs versions de ce modèle ont été formulées mais le modèle $G_{n,p}$ est le plus courant.

Le graphe obtenu par ce processus est choisi parmi $C_{n(n-1)/2}^p$ graphes. Autrement dit, $C_{n(n-1)/2}^p$ est le nombre de graphes avec n nœuds et p arêtes formant une probabilité équiprobable d'être réalisé. Le nombre d'arêtes maximum est $\frac{n(n-1)}{2}$. Ainsi, le nombre moyen d'arêtes équivaut à $\frac{n(n-1)}{2} \times p$.

Une arête étant issue à la suite de deux connexions à deux nœuds donc le nombre moyen de

connexions est le double du nombre moyen d'arêtes soit $np(n-1)$. Ainsi, le degré moyen des nœuds est : $z = \frac{np(n-1)}{n} = p(n-1) \simeq np$ quand n est grand. A partir de ce résultat, on peut exprimer toute propriété en fonction de n , z ou p .

De plus, beaucoup de propriétés intéressantes des graphes aléatoires émanent de ce modèle. L'une d'elles est la formation d'une composante géante (se référer à la figure 1.25) suite à une étape transitionnelle en fonction du degré moyen de nœuds z . Une composante géante est défini comme étant un ensemble maximal de nœuds fortement connectés. Généralement, ce sous-graphe contient la plupart des nœuds du graphe. Notons qu'il existe tout de même dans le graphe des petites composantes en dépit de la composante géante. Par ailleurs, lorsque le nombre de nœuds n est petit, le degré moyen des nœuds z est également petit ce qui a pour incidence que la plupart des nœuds du graphe ne sont pas connectés entre eux.

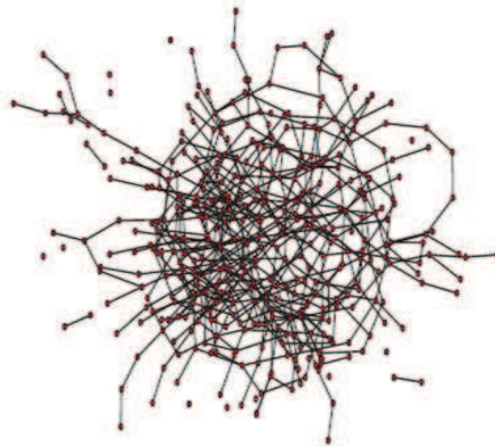


FIGURE 1.25 – Exemple d'une composante géante.

La formation d'une composante géante au sein d'un graphe aléatoire rappelle le comportement de nombreux réseaux réels tels que les réseaux sociaux où les connexions entre les individus sont très denses et, il n'est pas exclu la possibilité qu'il y ait une composante géante.

Cependant, ce modèle utilise un réseau homogène où chaque nœud dispose du même nombre de voisins et, de plus, il est statique du fait de l'impossibilité d'effectuer des modifications au cours du temps.

D'autre part, les réseaux réels se différencient nettement des réseaux aléatoires. Nous pouvons citer les travaux de Réda Albert et Albert-Laszlo Barabási [3] et ceux de Steven H. Strogatz [208] qui dénotent deux différences incontournables. La première étant qu'au sein des réseaux réels, il existe des forts coefficients de clustering [217] ce qui n'est pas le cas dans les réseaux aléatoires. Cela s'illustre bien dans le tableau suivant :

network	n	z	clustering coefficient C	
			measured	random graph
Internet (autonomous systems)	6 374	3.8	0.24	0.00060
World-Wide Web (sites)	153 127	35.2	0.11	0.00023
Power grid	4 941	2.7	0.080	0.00054
Biology collaborations	1 520 251	15.5	0.081	0.000010
Mathematics collaborations	253 339	3.9	0.15	0.000015
Film actor collaborations	449 913	113.4	0.20	0.00025
Company directors	7 673	14.4	0.59	0.0019
Word co-occurrence	460 902	70.1	0.44	0.00015
Neural network	282	14.0	0.28	0.049
Metabolic network	315	28.3	0.59	0.090
Food web	134	8.7	0.22	0.065

TABLE 1.2 – Comparaison des coefficients de clustering entre réseaux réels et graphes aléatoires.

L'autre différence concerne la distribution des degrés des graphes [3]. Dans un graphe aléatoire, la probabilité qu'un nœud dispose d'un degré k , noté p_k suit une distribution binomiale où :

$$p_k = \binom{n-1}{k} p^k (1-p)^{n-1-k}$$

Puis, quand le nombre de nœuds $n \gg kz$, on obtient une distribution de Poisson :

$$p_k = \frac{z^k e^{-z}}{k!}$$

puisque les graphes sont homogènes.

Or, dans les réseaux réels, les graphes suivent une distribution en puissance ce qui est loin d'être une distribution de Poisson.

En conclusion, bien que le modèle de P. Erdős et A. Rényi [96] a permis des avancées dans le domaine aléatoire, il ne permet toutefois pas de représenter des réseaux réels.

2 : Les graphes aléatoires généralisés

Comme nous venons de le souligner, les graphes aléatoires au sens de Erdős-Rényi suivent une loi de Poisson ce qui n'est pas approprié dans le cas du réseau réel. C'est pourquoi, Molloy et Reed [189] ont étendu le précédent modèle pour le rendre plus réaliste. L'objectif de leurs travaux a été de maintenir les propriétés des graphes aléatoires à l'exception du degré de distribution qui suit une loi de puissance.

La configuration du modèle est la suivante : soit une séquence de degré k_i des nœuds où $i = 1, \dots, n$ qui suit, par exemple, une loi de puissance. A chaque nœud i , on attribue un degré k_i appartenant à la séquence des degrés. Puis, on connecte des paires de nœuds uniformément et aléatoirement de manière à conserver le degré des nœuds.

Le graphe aléatoire obtenu n'est pas l'unique graphe suivant une distribution de puissance que l'on aurait pu obtenir. C'est un graphe choisi de manière aléatoire parmi un ensemble de graphes possédant la séquence du degré souhaité.

L'inconvénient de cette méthode est qu'elle ne permet pas de résoudre le problème des forts coefficients de clustering.

Le modèle de Albert-Barabási

En 1965, D.J.S. Price [184] fut le premier à introduire les réseaux « scale-free » appelés réseaux « sans échelles » ou « invariants d'échelle ». Son modèle analyse les nœuds entrants et sortants dans les citations d'articles scientifiques et il découvrit une loi de puissance. Il constata que plus le degré d'un nœud est élevé, plus ce degré augmente. Price qualifia ce processus d'« avantage cumulatif ». De nos jours, de part R. Albert et A.L. Barabási [3], cette appellation est plutôt connue sous le terme d'« attachement préférentiel ». Plus communément, ce terme rappelle la citation « les riches deviennent toujours plus riches ».

R. Albert et A.L. Barabási [3] mettent en place le même type de modèle sauf qu'ils considèrent un graphe non orienté. Le degré initial d'un nœud est m donc chacun des nœuds dispose initialement d'une probabilité non nulle d'être connecté à un autre nœud. La probabilité qu'une connexion entre deux nœuds se fasse est :

$$\frac{kp_k}{\sum_k kp_k} = \frac{kp_k}{2m}$$

A chaque nœud ajouté dans le réseau, on ajoute m arêtes (condition initiale) donc $\sum_k kp_k = 2m$ où $2m$ est le degré moyen du réseau. Les arêtes étant non orientées, les degrés des nœuds connectés augmentent. Ils supposent que la probabilité que deux nœuds soient reliés est aléatoire et uniforme.

Le nombre moyen de nœuds gagnant une connexion d'arête lors de l'ajout d'un nouveau nœud est : $m \times \frac{kp_k}{2m} = \frac{kp_k}{2}$.

Le nombre np_k de nœuds de degré k diminue suivant ce résultat et le degré des nœuds gagnant de nouvelles arêtes est $k + 1$. Le nombre de nœuds de degré k augmente également car, les nœuds précédemment de degré $k - 1$ acquièrent une nouvelle arête en dépit des nœuds de degré m .

Notons $p_{k,n}$ la valeur de la probabilité de p_k avec un graphe ayant n nœuds. On peut donc déduire le comportement du réseau pour chaque nœud ajouté en fonction de np_k :

- Si $k < m$: aucun nœud n'est rajouté car la condition initiale n'est pas réunie.
- Si $k = m$: $(n + 1)p_{m,n+1} - np_{m,n} = 1 - \frac{1}{2}mp_{m,n}$

$$- \text{ Si } k > m : (n+1)p_{k,n+1} - np_{k,n} = \frac{1}{2}(k-1)p_{k-1,n} - \frac{1}{2}kp_{k,n}$$

Au regard des solutions stationnaires $p_{k,n+1} = p_{k,n} = p_k$, on a :

$$p_k = \begin{cases} 1 - \frac{1}{2}mp_m & \text{si } k = m \\ \frac{1}{2}(k-1)p_{k-1} - \frac{1}{2}kp_k & \text{si } k > m \end{cases}$$

R. Albert et A.L. Barabási obtiennent :

$$p_m = \frac{2}{m+2}$$

et

$$p_k = p_{k-1} \frac{k-1}{k+2}$$

soit [142, 87] :

$$p_m = \frac{2m(m+1)}{(k+2)(k+1)k}$$

et

$$p_k = \frac{(k-1)(k-2)...m}{(k+2)(k+1)...(m+3)}$$

Quand k est grand, nous avons une distribution qui suit une loi de puissance $p_k \sim k^{-3}$ avec un exposant $\alpha = 3$.

L'un des avantages de ce modèle est que l'attachement préférentiel est linéaire. Cela peut se constater de manière empirique mais aucune preuve formelle n'a été élaborée. Toutefois, le graphe constitué par cette méthode de R. Albert et A-L Barabási est un arbre ce qui n'est pas réaliste pour des réseaux réels. Beaucoup d'auteurs se sont intéressés à ce modèle en suggérant des modifications voire des extensions transformant son comportement ou le rendant plus réaliste vis-à-vis des réseaux réels.

Les graphes petit-monde

Il n'existe pas de définition précise de graphe petit-monde. On retiendra qu'un graphe petit-monde dispose de peu d'arêtes et d'un diamètre polylogarithmique (n), où n est le nombre de nœuds [233]. On parle aussi de petit-monde navigable qui détient les caractéristiques d'un graphe petit-monde auquel on y ajoute un algorithme qui permet de trouver une route de longueur $\mathcal{O}(\text{polylog}(n))$ entre toute paire de nœuds.

Les graphes petit-monde ont les caractéristiques suivantes :

- Une faible densité : le nombre d’arcs est minime par rapport au nombre de sommets du graphe.
- Une structure robuste : la distance moyenne entre deux sommets est petite.
- De nombreux courts chemins.
- Une densité locale forte.

Les graphes petit-monde ont la caractéristique de fournir une bonne modélisation des réseaux sociaux. Il en décline donc de l’intérêt pour la modélisation de propagation d’épidémie.

En 1998, Watts et Strogatz [217], travaillant sur la modélisation de grands graphes ayant des petits diamètres, mettent en évidence que les graphes petit-monde ne sont ni aléatoires, ni réguliers. Cet aspect est assez important car en général, pour modéliser des interactions entre les composants de systèmes complexes, il était possible d’utiliser soient des graphes aléatoires soient des graphes réguliers mais ils étaient peu appropriés. Les graphes petit-monde sont adaptés à la modélisation car ils ont tendance à donner une bonne représentation du monde réel.

La figure 1.26 ci-dessous illustre le recablage aléatoire du réseau : au départ, l’on dispose d’un réseau régulier c’est-à-dire que $p = 0$, p est la probabilité qu’un nœud soit lié à un autre choisi aléatoirement. Quand $p = 1$, on obtient un graphe aléatoire. On obtient un graphe petit-monde quand $p \in]0; 1[$.

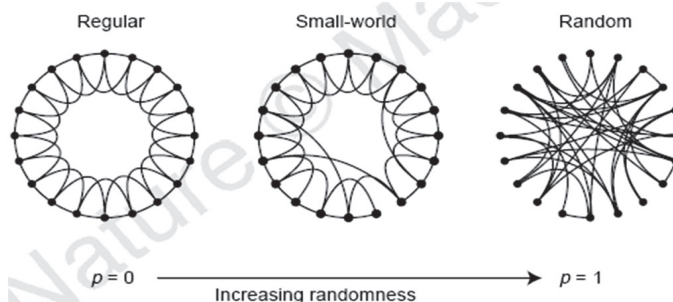


FIGURE 1.26 – Procédure de reconnexion entre réseau régulier et réseau aléatoire. *Watts et Strogatz*.

D’après les travaux récents de A.L. Barabási en 2000 [19], il ressort que la plupart des graphes petit-monde ont une structure hiérarchique. Plus précisément, dans un graphe petit-monde il existe peu de nœuds ayant beaucoup de voisins, ceux-ci ont un nombre moindre de voisins...

En 2002, N. Zekri et J-P. Clerc [223], ont mis en place un modèle qui tient compte des varia-

tions du nombre de voisins proches et des courts circuits. Ces variations affectent le seuil pour passer d'un état à un autre soit le seuil de percolation. Le seuil de percolation est défini comme étant la concentration p à laquelle un amas de taille infinie apparaît dans un réseau de taille infinie [64]. Le réseau social qu'ils considèrent n'est ni réseau régulier ni un graphe aléatoire car il contient des amas [41] ; il s'agit d'un réseau figé car les contacts se font à un moment précis.

Dans [141], B. Kogut et G. Walker font une application des réseaux au monde des entreprises. Ils s'intéressent aux relations d'actionnariat, plus précisément à la possession et au contrôle des entreprises.

D.J. Watts, dans [219], montre que la normalisation des paramètres de réseaux permette de comprendre les propriétés des dynamiques des réseaux sociaux.

Les graphes petit-monde permettent de normaliser le clustering et les longueurs de chemin [141]. Les champs d'application des graphes petit-monde sont multiples : informatiques (réseaux WEB, réseaux P2P), industriels (réseaux d'entreprises), sciences humaines (réseaux de relations professionnelles, réseaux économiques), sciences de la vie (réseau de protéines), linguistiques, épidémiologiques...

J. Kleinberg, dans [139], propose divers algorithmes pour construire des graphes petit-monde. J. Kleinberg a proposé un modèle permettant d'étudier le caractère décentralisé de la trajectoire de la lettre issue de l'expérience de Milgram à l'aide d'un algorithme décentralisé. Il utilise un graphe orienté, une grille $n \times n$, chaque nœud du graphe est relié à un autre avec une probabilité proportionnelle à $d(u, v)^{-r}$ où u et v sont deux voisins, r une constante universelle.

Théorèmes

Dans cette partie, nous citerons quelques théorèmes qui peuvent être utilisés pour les graphes petit-monde.

Théorème 1.3.1 *En testant en moyenne $\mathcal{O}(\log n)$ liens, on en trouve un qui divise la distance par deux.*

Ce théorème permet de trouver la borne inférieure du chemin.

Théorème 1.3.2 [108] *Chaque nœud connaît la liste des voisins de ses $\mathcal{O}(\log n)$ plus proches voisins sur la grille.*

Le glouton calcule des chemins de longueur moyenne $\mathcal{O}(\log^{1+1/d} n / k^{1/d})$. Dans un réseau social, il y a une certaine dépendance à la dimension.

Théorème 1.3.3 *Selon Watts, dans [219], la longueur moyenne du plus court chemin tend vers $\frac{\log(n)}{\log(k)}$ pour tout graphe aléatoire c'est à dire pour presque toutes les topologies et le coefficient de clustering attendu est $\frac{k}{n}$ avec n : un ensemble des nœuds et k : un ensemble des liens.*

Théorème 1.3.4 *Deux nœuds connectés à un même nœud ont une forte probabilité d'être connectés.*

Exemple : Laurie connaît Thibault et Laurie connaît Aurélie donc Aurélie et Thibault ont de forte chance de se connaître (lors d'une sortie entre amis par exemple).

Théorème 1.3.5 [40] *Soit une constante $k \geq 3$. Si nous choisissons au hasard un ensemble de graphes ayant n nœuds pour lesquels chaque nœud a exactement k degrés, alors il y a une forte probabilité que chaque paire de nœud soit joint par un chemin de longueur $O(\log n)$.*

Les longueurs du chemin sont logarithmiques en n , voire plus généralement polylogarithmique en n . Un graphe sera dit « petit-monde » lorsque toute paire de nœud sera connectée à une longueur de chemin polylogarithmique en n . Dans ce cas, la longueur du chemin sera exponentiellement plus petit que le nombre de nœud.

Théorème 1.3.6 [140]

1. *Soit un modèle hiérarchique avec un exposant $\beta = 1$ et k un degré tel que $k = c \log^2 n$, pour une constante c suffisamment grande, on a un algorithme décentralisé à une vitesse polylogarithmique.*
2. *Si $\beta \neq 1$ et $k(n)$ est une fonction polylogarithmique alors il n'y a pas d'algorithme décentralisé dans un modèle hiérarchique avec un exposant β et $k(n)$ degré qui donne une vitesse polylogarithmique.*

De manière générale, on peut imaginer plusieurs façons de construire un réseau. Par exemple, on place les nœuds à la fois sur une hiérarchie et un treillis (graphe très simple et très régulier) simultanément. Aussi, cela devient naturel de considérer des structures plus générales dans lesquelles une partie de ces limites donnent simultanément un résultat simple.

Exemples de champs d'application

Dans cette partie, nous tacherons de présenter deux exemples pour lesquels les graphes petit-monde sont assez utilisés. Il s'agit des graphes petit-monde lexicaux et des graphes petit-monde appliqués au domaine de l'épidémiologie.

1 : Petits-monde lexicaux

A partir d'une définition relevée dans un dictionnaire quelconque, il est possible d'en établir un graphe petit-monde. Les nœuds du graphe seront les mots ou verbes contenus dans la définition du mot. Un lien représente une relation sémantique. Par exemple, prenons la définition suivante du verbe écorcer (se référer aux figures 1.27, 1.28 et 1.29) :

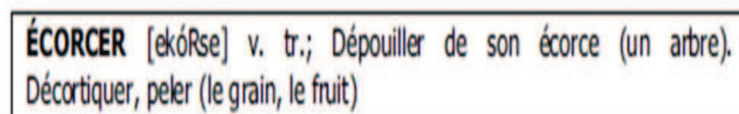


FIGURE 1.27 – Définition du verbe écorcer *Dictionnaire Robert*. [115]

On peut donc déduire le graphe suivant :

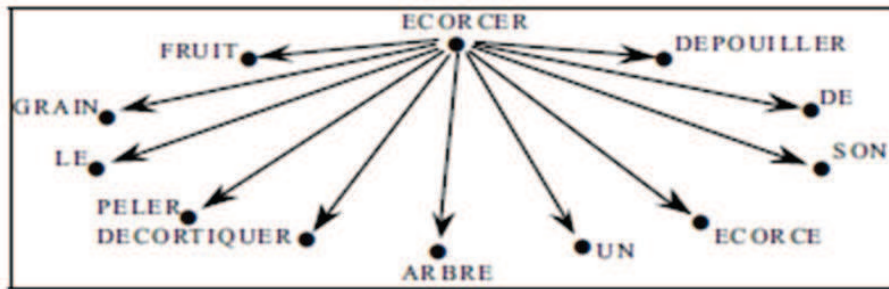


FIGURE 1.28 – Extrait du graphe autour du verbe écorcer. *Dictionnaire Robert*. [115]

A partir de ce graphe composé de mots et de verbes, on peut obtenir le graphe des verbes suivant :

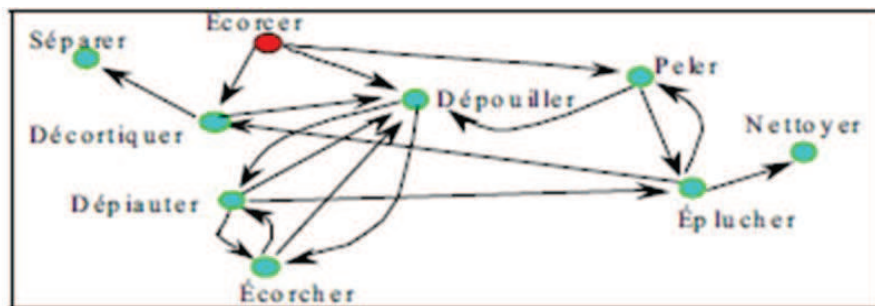


FIGURE 1.29 – Extrait du graphe des verbes autour du verbe écorcer. *Dictionnaire Robert*. [115]

Cette application des graphes petit-monde est très utilisée car l'exploration du graphe permet de mettre en évidence la structure qu'il modélise tout en rendant l'information accessible à un système automatique.

2 : Petit-monde épidémiologique

Dans le domaine de l'épidémiologie, les grands réseaux d'interactions ont un impact sur le mécanisme de diffusion de l'épidémie. Le début d'une épidémie est caractérisé par une évolution du nombre de cas au moins en puissance sinon exponentielle. En effet, « tout virus dont le degré de contagiosité est inférieur à un seuil critique finit par disparaître. Au delà du seuil critique, le virus se développe exponentiellement, infectant toute la population » [21].

Un réseau d'amis ou de contacts professionnels caractérise un graphe petit-monde. Celui-ci peut-être considéré de telle sorte que :

- Un nœud du graphe représenterait un individu.
- Un lien du graphe schématiserait une rencontre.

- Les voisins d'un nœud pourraient être des parents proches (frères et sœurs, père et mère, des voisins...).
- Les courts circuits caractériseraient les rencontres sur les lieux professionnels (écoles, travaux...).

Barret et al., dans [24], ont mis en place un modèle pour simuler les déplacements des individus devant emprunter les moyens de transport. Ce modèle a également été utilisé à des fins épidémiologiques pour la simulation de la propagation d'épidémies. La mise en place d'un tel modèle a nécessité un certain nombre d'informations concernant les individus à savoir leur point de départ, leur localisation, leur activité actuel, le(s) types de transport utilisé et les personnes les accompagnant ; données en la possession des auteurs.

L'utilisation des réseaux « petit-mondes » au sein d'un modèle épidémiologique permet de spécifier que l'épidémie peut atteindre très rapidement un grand nombre de personnes. De plus, la modélisation sous forme de réseau reste très appréciée dans la mesure où elle facilite la mise à jour des données. L'insertion de données est très pratique. Aussi, l'exploration du graphe peut être faite sans difficulté particulière. Le début d'une épidémie peut être repéré en fonction de la distribution des tailles d'amas autour du seuil de percolation.

On distingue deux types de diffusion spatiale des épidémies :

- Celle basée sur l'étude de configuration des réseaux dans une perspective de modélisation à l'instar des modèles de D.J. Watts [220], de A.L. Barabási [20]...
- Celle basée sur les synergies d'interactions.

Le modèle épidémiologique constitué doit tenir compte de la répartition spatiale des villes. De plus, la proximité de deux villes engendre une répartition de l'activité salariale d'autant plus si ces villes sont de petites tailles. Les habitants sont amenés à se déplacer quelques fois d'une ville à l'autre en fonction de leur lieu de domicile et de leur lieu de travail.

Dans [97], S. Eubank et al. mettent en place un modèle pour analyser la diffusion de la variole à Portland aux Etats-Unis tenant compte des comportements des individus, des interactions entre eux, des réseaux relationnels et des effets de la structure spatiale. Ce travail utilise l'application de C. Barret et al. [24] qui simule les déplacements des individus dans une ville contrainte des infrastructures de transport.

S. Eubank et al. incluent l'hypothèse forte qu'un individu n'a que 15 contacts au sein de la journée et que ce nombre est fixe pour chaque individu. Après la simulation de ce modèle pour lequel S. Eubank et al. considèrent 180000 lieux et 1,6 million d'agents, ils testent l'impact de diverses actions menées (vaccinations...). Il constate que plus l'intervention est rapide, plus les actions menées peuvent être efficaces.

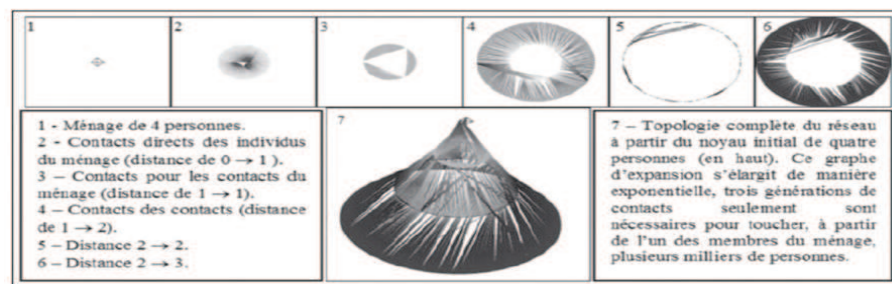


FIGURE 1.30 – Topologie de réseau social de type « Petit-Monde ». D’après S. Eubank, 2004.

Le modèle de B. Daull [77] donne une nouvelle approche de la modélisation de propagation d’épidémie. Il se base essentiellement sur le modèle précédemment cité. B. Daull considère deux cités distinguées par leur connectivité : l’une forte, l’autre faible. Il introduit une topologie dans la simulation. Son modèle, considérant 3000 agents, est décrit de la manière suivante (se référer à la figure 1.31) :

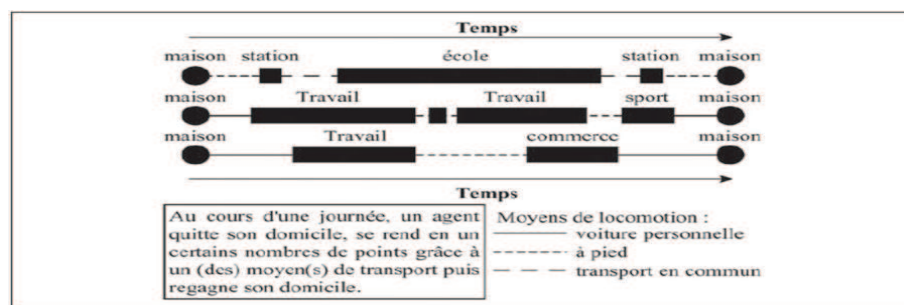


FIGURE 1.31 – Exemples d’activités virtuelles de quelques habitants de la ville.

Il en ressort, dans ce modèle, que l’épidémie se propage plus rapidement dans la cité ayant une faible connectivité.

D’après A.L. Barabási et E. Bonabeau, dans [21], « Tout virus dont le degré de contagiosité est inférieur à un seuil critique finit par disparaître. Au-dessus du seuil critique, le virus se développe exponentiellement, infectant toute la population ». Les réseaux pour lesquels la distribution des degrés des nœuds suit une loi de puissance ont un seuil critique nul.

En somme, un des moyens pour éradiquer les épidémies est l’isolement des supernœuds. Toutefois, supprimer 5 à 15% de la totalité des supernœuds peut entraîner la perte du système [21]. Donc il vaut mieux protéger les supernœuds pour engendrer le moins de perturbation possible dans le système.

Discussion

Comme nous avons pu le voir dans les parties précédentes, l'individu est au cœur du processus de contamination d'une épidémie. Le virus se propageant lors de contacts entre les individus, donc il est important de pouvoir modéliser le réseau que constitue ces contacts. D'où l'intérêt de l'étude des travaux sur les réseaux complexes, incluant les réseaux sociaux.

Ainsi, à la suite de la présentation des divers travaux effectués dans le domaine des réseaux complexes, nous avons pu constater que l'étude des réseaux complexes débuta avec l'expérience de Milgram. Ne disposant pas de moyens pour vérifier les qualités du modèle, ce dernier eut peu d'intérêt à l'époque. L'arrivée d'Internet a permis de revaloriser puis de relancer les travaux dans le domaine.

En premier lieu, les travaux d'Erdős et Rényi sont à la base des graphes aléatoires. Bien que leur modèle présente des propriétés intéressantes, il dispose d'handicaps majeurs du fait que le réseau constitué ne soit pas adapté aux réseaux réels. Outre l'homogénéité de leur modèle, le coefficient de clustering reste trop peu élevé. Nous donc pouvons affirmer que les graphes aléatoires ne sont pas des réseaux réels.

Dans le but d'approcher les réseaux réels, Molloy et Reed se sont inspirés du modèle d'Erdős et Rényi et ont proposé un modèle hétérogène suivant une distribution de puissance. Ce modèle, caractérisé de graphes aléatoires généralisés, ne permet pas résoudre le problème du fort coefficient de clustering ce qui est assez contraignant.

Pour remédier à cette contrainte, Albert-Barabási propose un modèle considérant des graphes non orientés basé sur la notion d'« attachement préférentiel ». Cela est en harmonie avec le dicton « les riches deviennent encore plus riches » mais le réseau obtenu est un arbre ce qui s'écarte des caractéristiques des réseaux réels.

Puis naissent les graphes intermédiaires aux graphes réguliers et aux graphes aléatoires : les graphes « petit-monde » combinant un fort coefficient de clustering et une distance moyenne faible. Cette dénomination de « petit-monde » surgit car il s'agit d'un réseau dont la densité est faible, la longueur du chemin est peu élevée et dont la structure est robuste. Les deux particularités du réseau petit-monde sont :

- La distance moyenne entre deux nœuds est proportionnelle au logarithme des nœuds.
- Un grand nombre de structure sont proches de cliques (souvent les voisins d'un nœud sont connectés entre eux).

Le phénomène petit-monde, parfois caractérisé de paradoxe de Milgram, fournit une bonne modélisation des réseaux sociaux. Dans ce type de réseau se rapprochant le plus des réseaux réels, les graphes sont non orientés car on admet que les relations sont symétriques. Autrement dit, si deux nœuds A et B sont reliés alors cela correspond au fait que A est amis avec B et B est amis avec A.

Mais, dans les réseaux réels, les choses ne sont pas aussi simples. Il existe plusieurs familles de relations entre des individus qui peuvent être professionnelles, amicales... Et, les liens entre

eux ne sont pas créés puis détruits mais sont plutôt actifs ou inactifs.

Par ailleurs, les grandes bases de données permettent d'étudier la topologie des grands réseaux complexes. C'est pourquoi, disposant de données démographiques et épidémiologiques d'une part, et ayant un phénomène centré individu, nous avons opté pour une simulation multi-agent. Cette dernière est présentée dans la partie suivante.

1.4 Le système multi-agents

Un système multi-agents (SMA) est un outil informatique qui permet de combiner des agents, un environnement, des interactions et une organisation. Apparue dans les années 1990, le système multi-agents fait suite à la programmation orientée objet puisque celle-ci est difficilement maniable. En effet, lors de la conception d'un objet, on lui associe une identité qui le distingue des autres agents, un ensemble de variables le caractérisant et un ensemble d'actions qui constitue son comportement. Ainsi, par défaut, les comportements de l'objet sont figés.

Actuellement en plein essor, le SMA permet donc de transformer les objets en des entités informatiques autonomes. Le concept de base de la simulation multi-agents est de représenter le comportement des individus, soit de constituer une abstraction du monde réel. Nous pouvons citer diverses applications du système multi-agents que ce soit dans le domaine des transports, de la télécommunication, de la simulation, de la théorie des jeux, des systèmes d'informations, de la robotique, des systèmes coopératifs, des jeux interactifs, de la modélisation de réseaux complexes... [48, 221, 180, 186, 80, 84, 94, 18, 193].

Dans [222], M. Wooldridge spécifie que le SMA peut être défini comme étant un ensemble d'agents qui agissent et interagissent dans le même environnement.

Pour J. Odell [176], le SMA peut être considéré comme un ensemble d'agents interdépendant qui agissent individuellement tout en coopérant pour atteindre un objectif commun.

Selon Y. Demazeau [80], le SMA est constitué de quatre composants dénommés voyelles : A (agent), E (environnement), I (interactions), O (organisation).

Ainsi, $SMA = Agents + Environnement + Interactions + Organisation$.

Détaillons chacun de ces composants :

1. L'Agent.

Le terme « agent » est préféré au terme « objet » puisque dans la conception des logiciels, l'agent est doté d'aptitudes humaines. Un agent est une entité qui se développe dans un environnement et qui dispose de certaines facultés :

- Autonomie : l'agent a un comportement qui est lié à sa propre expérience. Dans la littérature multi-agents, la notion d'« autonomie » est associée à au moins quatre concepts :
 - (a) Sa conception dans le SMA.
 - (b) L'environnement dans lequel il évolue.

- (c) Ses objectifs.
- (d) Ses motivations.
- Communication : les agents interagissent entre eux en utilisant un protocole. Ils peuvent partager des informations (premier mode de communication) ou s'envoyer des messages.
- Les agents évoluent avec leur environnement bien qu'ils aient une représentation partielle de celui-ci. Ainsi, l'agent effectuera des actions en fonction de la représentation qu'il se fait de l'environnement.
- Les agents ont des connaissances sur eux-mêmes et sur les autres agents.
- Les agents ont la capacité d'apprendre. Ils peuvent modifier leur comportement en fonction de ce qu'ils perçoivent.
- Les agents ont des objectifs à atteindre.
- Les agents sont mobiles.

On peut noter la définition suivante de Y. Demazeau et J. Ferber dans [81] : « une entité réelle ou virtuelle autonome qui évolue dans un environnement, peut percevoir cet environnement, peut agir dans cet environnement, peut communiquer avec les autres agents, et exhibe un comportement autonome qui est la conséquence de sa connaissance, de ses interactions avec les autres agents et du but qu'elle poursuit ».

Selon J. Ferber, dans [99], un agent est défini comme étant une entité logicielle ou physique, autonome, évoluant dans un environnement, qu'elle peut concevoir et sur lequel elle peut agir.

Il existe différents types d'agents. La distinction est principalement faite entre les agents réactifs et les agents cognitifs. Dans [100], J. Ferber précise qu'il ne faut pas considérer cette opposition comme « une opposition d'essence mais un repère dans l'analyse des SMA ».

- Les agents réactifs sont définis comme des agents n'ayant pas de représentation de leur environnement. Ils sont dotés de peu d'intelligence ce qui induit que les actions réalisées antérieurement par ce type d'agents sont oubliées. Ils fonctionnent par des réactions de « stimulus-réponses ». L'exemple phare qui peut être cité dans ce cas est celui de la fourmi. L'un des avantages d'utiliser des agents réactifs au cours d'une simulation est qu'ils peuvent être nombreux.
- Les agents cognitifs sont dits intelligents. Ils ont une très bonne représentation de leur

environnement, disposent d'une mémoire et ont un but à atteindre de manière collective ou seul. L'être humain est un bon exemple d'agent cognitif. Ce type d'agent permet de résoudre des problèmes plus complexes.

Nous pouvons constater que la conception d'un agent est plus ou moins complexe selon sa nature.

L'utilisation d'un système composé uniquement d'agents réactifs ou d'agents cognitifs ne conduit pas spécialement à un état d'équilibre.

- Les agents hybrides regroupent des caractéristiques des agents réactifs et des agents cognitifs.

On peut donc remarquer qu'il est capital de bien définir le comportement de l'agent. En général, les SMA sont constitués à partir de trois modèles :

- L'éco-agent, défini par Ferber, est un agent réactif qui a pour but d'atteindre un état de satisfaction. Lorsqu'il est impossible d'atteindre cet état à cause d'un autre agent, celui-ci est agressé par l'éco-agent.
- L'agent BDI (Belief Desire Intention) dans [188], vise à représenter le comportement d'un agent de type cognitif. Il a des croyances et en fonction de celles-ci dispose de désirs. Il tentera de les satisfaire.
- L'agent POA, Programmation Orientée Agent, est basé sur des postures intentionnelles selon Y. Shoham dans [201].

On peut constater que l'agent a une place capitale dans la conception d'un SMA.

2. L'Environnement.

L'environnement est défini comme étant le lieu où les agents évoluent et interagissent. Il est modélisé comme un agent réactif. Le plus souvent, dans le SMA, l'environnement est spatial. Dans le cas où l'environnement évolue au cours de la simulation, on dira que le système est dynamique sinon il est statique.

3. Les Interactions.

Dans le SMA, les interactions jouent un rôle important. Elles regroupent l'ensemble des actions pouvant subvenir entre les différents agents et l'environnement. Comme le stipule J. Ferber dans [99], « un agent sans interaction avec d'autres agents n'est plus qu'un corps isolé, qu'un système de traitement d'information, dépourvu de caractéristiques adaptatives ». Il existe deux types d'interactions directes dans un SMA :

- Celles générées par la communication d'un agent à un autre.
- Celles concernant l'action d'un agent sur l'environnement. En effet, toute action d'un agent a un impact sur l'environnement donc modifie celui-ci.

Il existe également des interactions indirectes entre les agents appelées « interactions portées par l'environnement ». En effet, la perception des modifications engendrées par les autres agents sur l'environnement constitue bien une interaction indirecte.

4. L'Organisation.

L'organisation englobe la totalité des actions de toutes les composantes. Elle permet de structurer les comportements des agents et leurs interactions. Dans [105], N. Ferrand démontre l'intérêt d'une structure d'interaction dynamique dans un SMA. Un agent dispose de libertés en fonction de la définition de l'ensemble de ses actions et de celle des entités vers qui les actions sont dirigées. Selon J-P. Müller, dans [168], les agents disposent d'une capacité à s'adapter à de nouvelles situations et d'exhiber des comportements collectifs émergents.

Dans [99], selon J. Ferber, les deux objectifs du SMA sont :

- « La réalisation d'artefacts distribués capables d'accomplir des tâches complexes par coopération et interaction ».
- « L'analyse théorique et expérimentale des mécanismes d'auto-organisation qui ont lieu lorsque plusieurs entités autonomes interagissent ».

Le SMA est l'un des axes fondamentaux de recherche de l'intelligence artificielle distribuée. Il a été créé dans le but de fixer des objectifs aux agents qui peuvent les traiter seuls ou en commun.

Le SMA est le fondement d'une méthode où souvent on réalise une modélisation de la société en représentant au mieux le monde réel et où on fixe les tâches des agents. Il tente donc de représenter le monde réel ; il ne cherche pas à réduire sa complexité. Il y a plusieurs domaines d'application tels que l'industrie, l'énergie, la communication (gestion de réseaux...), la santé (gestion des épidémies...), etc.

Dans [169], G. Muller et al. ont tenté de modéliser la maladie du sommeil au Sud-Cameroun. Pour cela, ils ont mis en place un modèle basé sur les SMA tenant compte de la spatialité, des déplacements liés aux activités professionnelles des habitants, de la densité, de la mobilité des vecteurs, du rôle des hôtes non humains. La simulation de ce travail a été effectuée à partir de la plateforme MADKIT [240, 125] du métamodèle (représentation d'un point de vue particulier sur des modèles) Aalaadin [101]. Les interactions, au sein de ce modèle, sont statiques donc non modifiables au cours de la simulation. L'unité de temps considérée dans ce travail est 12 heures

ce qui permet de mieux gérer le comportement des individus ainsi que l'activité des mouches tsé-tsé qui est plutôt diurne.

Dans [2], H. Abouaïssa et al. présentent la modélisation d'un système de transport dynamique et complexe combinant le réseau ferroviaire et routier. Cette approche est basée sur les SMA et les réseaux de Pétri.

Y. Charif et N. Sabouret, dans [61], proposent un modèle où les agents sont amenés à se coordonner pour réaliser des tâches complexes définies par un utilisateur. Dans ce modèle, les agents sont introspectifs c'est-à-dire qu'ils sont capables de raisonner sur leurs actions.

Dans [179], D. Payet et al. ont développé un modèle multi-agent nommé Biomas basé sur la plateforme Geamas dans le but d'aider les acteurs agricoles de la Réunion à améliorer leurs pratiques, leurs gestions. Ce modèle permet de simuler les flux de transfert des matières organiques. Cette simulation a nécessité différents types d'agents hybrides (éleveurs, élevages...) pour concevoir un modèle d'aide à la décision concernant le traitement des effluents, le type de traitement, le coût et le dimensionnement du traitement, l'approvisionnement de l'unité de travail.

F. Andriamasinoro et R. Courdier, dans [8], montrent les avantages de connaître les besoins des agents d'une part pour pouvoir mieux les contrôler et d'autre part pour résoudre les conflits inter-niveaux. Ce travail, orienté besoin, donne à l'agent le plus d'autonomie possible ; il peut donc décider de son action. L'ajout d'un besoin au sein de ce modèle ne perturbe pas les relations déjà existantes.

Y. Ouzrout et al. [177] étudient les comportements des organisations productives. Ils montrent l'intérêt des dimensions cognitives au sein des modèles de simulation de manière à considérer la réalité « technologique » vis-à-vis des prises de décision. Chaque intervenant au niveau des prises de décision est considéré comme un agent ayant son propre point de vue (individuel) et des objectifs productifs (collectifs). La simulation est considérée comme une étape entre l'instant où l'entreprise a besoin de changement et l'instant où il effectue ce changement. Elle permet de mettre en place « un nouveau cahier de charge » au niveau de la prise de décision essentiellement de l'entreprise. Elle permet également d'avoir une vision de la décision individuelle des agents sur les performances globales de l'entreprise.

Un SMA est dit « ouvert » si :

- on peut y intégrer ou y enlever des agents après la conception du SMA.
- on peut modifier les tâches des agents présents dans le SMA.

Effectuer de telles modifications au sein d'un SMA n'est pas toujours très aisé. Dans [215], L. Vercouter tente de mettre en amont les failles d'un SMA ouvert à cause de la centralisation de la gestion de l'ouverture et du fait que dans certains cas, un tel SMA n'est pas adapté. Ainsi,

dans ce travail, il propose une approche distribuée de la gestion de l'ouverture d'un SMA. Cette méthode possède deux avantages :

- Chaque agent a une représentation locale et personnalisée de tous les autres agents.
- Il n'y a pas d'agent consacré à la gestion de l'ouverture d'un SMA.

Les plateformes de SMA sont également multiples : REPAST, MADKIT, SWARM [246], JADE [238], CORMAS [231], MIMOSA [242]... et, il n'y a malheureusement pas de lien entre ces logiciels [209]. La plupart de ces plateformes sont conformes FIPA [232] c'est-à-dire que : « elles assurent l'interopérabilité grâce aux protocoles et standards, gèrent le parallélisme de réalisation des tâches, permettent la réutilisabilité et toutes les bibliothèques sont free software » [30].

Au vue de la multiplicité des logiciels multi-agents existants, le choix de ce dernier ne doit pas être anodin mais être fondé sur un certain nombre de caractéristiques telles que :

- Le nombre d'agents interagissant dans le système.
- Adaptabilité au système d'information géographique.
- L'ontologie des agents.
- Leurs proactivités.
- Le logiciel permet-il de modifier l'environnement au cours de la simulation ?
- Réagit-il en temps réel ?
- ...

Le SMA permet de simuler des situations de crise. Ainsi, les utilisateurs peuvent acquérir plus d'expériences. La gestion de crise nécessite la coordination de différents intervenants ayant :

- Un objectif global commun : minimiser la diffusion de l'épidémie.
- Des objectifs individuels différents (personnel de santé : soigner les malades, ...)

Chacune de ces actions influe sur l'environnement global. La simulation multi-agents nécessitera dans ce cas deux types d'agents : l'agent cognitif qui représentera l'agent de type humain et l'agent réactif pour les autres types d'agents.

Discussion :

La simulation multi-agents dispose de nombreux atouts majeurs : les agents sont communicants, mobiles et peuvent être dotés d'une certaine intelligence. On peut donc représenter, sur une plateforme informatique, un aspect du monde réel.

Les modèles basés agent sont généralement utilisés pour modéliser et implémenter des phénomènes complexes distribués, notamment des simulations individus-centrés dits modèles micro-analytiques.

De plus, le SMA est particulièrement approprié lorsqu'il s'agit de transmission dépendant d'évènements aléatoires. D'où la possibilité de modéliser des phénomènes sociaux. Ainsi, le SMA peut être considéré comme un graphe d'acointances où un nœud représenterait un agent et un arc schématiserait une relation entre les agents.

Par ailleurs, la notion de spatialité peut directement être prise en considération car le SMA peut être couplé au système d'information géographique ce qui est non négligeable. Ainsi, nous pourrions obtenir une meilleure représentation géographique.

La modélisation SMA est flexible.

Le SMA n'est pas toujours facile à mettre en place notamment en ce qui concerne les tâches des agents et leurs interactions. Dans la conception d'un SMA, il est nécessaire de se demander si le simulateur reproduit effectivement ce que l'on veut car il peut introduire des biais dûs généralement à l'ordonnancement des tâches de l'agent.

Bien que les SMA permettent de simuler différents problèmes, la difficulté persiste tout de même au niveau de la convergence de l'ensemble des agents vers une solution unique et commune.

Après avoir mis en exergue l'intérêt de coupler le SMA au système d'information géographique (SIG), nous allons dans la partie suivante, détailler le SIG.

1.5 Le système d'information géographique

Un système d'information géographique (SIG) est un logiciel qui permet d'obtenir une représentation spatiale d'un territoire à partir de données référencées géographiquement. D'après la source française de photogrammétrie et de télédétection [207], le SIG est aussi défini comme étant « un système informatique permettant, à partir de diverses sources, de rassembler et d'organiser, de gérer, d'analyser et de combiner, d'élaborer et de présenter des informations localisées géographiquement, contribuant notamment à la gestion de l'espace ». Selon DoE [86], le SIG est « un système pour collecter, stocker, vérifier, manipuler, analyser et restituer des données spatialement référencées à la surface de la Terre ».

C'est le Dr John Snow qui fit naître cette méthode car lors de l'épidémie du choléra, en 1854, il a utilisé le SIG pour démontrer que l'eau d'un puits était à l'origine des contaminations [204].



FIGURE 1.32 – Photographie du Dr John Snow.

Dans les années 1960, le problème de la création de nouvelles implantations forestières se posa en Afrique de l'Est car les cartes géographiques existantes étaient trop nombreuses. Cela engendra des difficultés au niveau de l'optimisation de la localisation de meilleurs sites. Pour palier à ce problème, la nécessité d'utiliser des outils informatiques se fit ressentir.

Et depuis, le SIG fait partie intégrante des recherches et cela, dans tous les domaines tels que le transport pour la réalisation de cartes, le tourisme, le marketing, la santé, la biologie et bien d'autres [34, 195, 136, 158, 161, 170, 187, 25, 138, 175].

Dans [34], R. Benamirouche utilise le SIG pour mettre en place un tableau de bord graphique, outil permettant de faire face aux décisions urgentes à l'hôpital, qui géolocalise les établissements et les acteurs de santé de différents territoires.

P. Sabatier et al., dans [195], proposent un modèle permettant de détecter rapidement des syndromes fébriles et la dengue. Ce travail consiste au recueil de données épidémiologiques, au traitement des données et à l'aide à la décision sanitaire. Les données proviennent de l'Inserm, ils sont mis en temps réel sur leur site [228]. En somme, l'informatisation de ce système a permis de détecter des périodes inter-épidémiques, de suivre le début de l'épidémie (la détection de nouveaux cas), le suivie spatial de l'épidémie.

Les travaux de P. Ramanantsizehena et B. Ramiranirina [187] portent sur l'étude de l'endémie de la bilharziose. Le modèle propose divers scénarios de l'évolution de ce dernier et optimise les moyens de lutte utilisés.

Bien que le SIG soit utilisé pour représenter l'environnement spatial de manière plutôt réaliste, il l'est aussi pour recueillir et analyser des données référencées géographiquement. L'évolution du SIG se caractérise en trois étapes :

- Fin 1950 - milieu 1970 : suite à l'apparition de l'informatique, les cartographies automatiques firent leur apparition.
- Milieu 1970 - début 1980 : propagation des outils permettant les cartographies automatiques dans divers établissements.
- Depuis 1980 : développement de ces types d'outils cartographiques [157].

Le développement du SIG s'est effectué en parallèle avec celui de l'informatique. Et, selon B. Daull [77], « l'enjeu pour la décennie à venir est de permettre à des villes moyennes et petites d'accéder en grand nombre à des SIG répondant à leurs besoins pour un prix abordable (et de passer ainsi) de l'expérimentation et de l'innovation à la gestion industrialisée des informations géographiques ».

Les avantages d'un tel outil sont nombreux. Le principal objectif du SIG n'est pas de concevoir des plans de cartes. En effet, comme l'énonce J-M Fournillier [107], « le besoin prioritaire n'est pas plus la production de plans précis pour réaliser des travaux, mais la mise en place d'outils de gestion des données urbaines ».

Un SIG dispose de cinq composants indispensables :

- Les êtres humains : Ils peuvent être de tout ordre. C'est un composant essentiel.
- Données : elles doivent être géoréférencées c'est-à-dire référencées géographiquement. Le géoréférencement des données s'effectue par la mise en relation des objets géogra-

phiques et des données attributaires. Les données géoréférencées peuvent être de quatre types : géométriques, descriptives, graphiques ou métadonnées. Une base de données géographiques est un ensemble de couches superposables. Pour gérer les données, dans le cas d'utilisateurs multiples et de gros fichiers, on utilise de préférence le système de gestion de base de données (SGBD) qui superpose une ou plusieurs couches géographiques. Le plus utilisé par le SIG est le système de gestion de base de données relationnel (SGBDR). La fiabilité des données et leur disponibilité affectent les résultats.

- Matériels : On utilise des matériels informatiques (ordinateurs...) pour faciliter le traitement des données. Dans le cas où les données ne sont pas informatisées, il faut recourir à la digitalisation. La digitalisation ou numérisation est une méthode permettant de transformer des données sur papier en données informatiques. Le plus souvent, on utilise le scanner pour palier à cette étape. Un minimum de performance est requis sur l'ordinateur.
- Méthodes : on utilise des méthodes variées (modélisation, analyse de données, processus...).
- Logiciels : Le logiciel utilisé est l'outil clé car il doit permettre le recueil des données, l'analyse des données, la mise en forme et une bonne représentativité du monde réel. On peut avoir recours à des logiciels de base de données, de traitement d'image...

A la suite de l'assemblage de ces éléments, un SIG possède les fonctions suivantes :

- La capture des données : C'est la manière de recueillir les données. Le recueil de données peut s'effectuer par :
 1. Carte papier
 2. Données déjà numérisées
 3. Global Positioning System (GPS)
 4. Coordonnées géographiques
- Le stockage de données. Pour cela, on dispose de deux méthodes :
 1. vectorielle (format vecteur) : on doit posséder les coordonnées géographiques. Ainsi, on peut représenter trois types d'objets :
 - a) Point : Les points peuvent représenter un habitant, un arbre, un agent, etc. Ils représentent des objets qui n'ont pas de surface réelle.

b) Ligne : Les lignes peuvent être la représentation d'une route, d'une rue, d'un câble téléphonique, d'une ligne de voies ferrées, etc. Elles représentent des éléments de forme géographique étroite ou des objets sans surface.

c) Polygone : Les polygones peuvent être des régions, des départements, des forêts, etc. Ils ont tendance à économiser la place mémoire. Ils représentent des objets homogènes.

En fonction de l'échelle considérée, une ville peut être schématisée comme un point ou un polygone.

2. matricielle (format raster) : représentation sous forme d'image. Ce format comporte plusieurs inconvénients : les fichiers nécessitent beaucoup d'espace mémoire, il est peu précis, les objets ne sont pas représentés seuls et l'impression des documents est de mauvaise qualité.

Il est possible de passer du format raster au format vecteur et inversement.

De manière générale, le format de la carte fabriquée avec les points, les lignes et les polygones est dit vectoriel car les objets sont liés à des données. Le modèle vectoriel est utilisé quand les données sont discrètes.

Si la carte ne contient que des points, on dira qu'il s'agit d'une carte de format raster.

- La requête localisée : requête effectuée sur un point spécifique.
- L'analyse des données. Elle peut s'effectuer par :
 1. Proximité : Combien de centres de beauté se trouvent dans un périmètre de 1000 mètres autour d'une mairie ?
 2. Superposition de couches.
 3. Réseaux : Quel est le plus court chemin pour aller d'un point à un autre ?

– La visualisation des données.

– La sortie des données : elle peut se faire sur une carte papier. . .

Un SIG peut être vu comme « un oignon » du fait de la superposition des couches.

Le SIG peut permettre :

- Une bonne visualisation de l'environnement spatial.
- La disposition d'objets dans un système géoréférencé.
- De trouver le plus court chemin pour se rendre à une destination ce qui peut être très utile pour les services d'urgences par exemple. Intégré au SIG, le buffering, un algorithme de calcul, détermine les relations de proximités.
- Le rajout ou la soustraction d'objets référencés géographiquement. Prenons l'exemple du village de Shiaolin, situé en Taïwan, qui a été détruit en Août 2009 suite au passage du typhon Morakot. En cartographiant l'île de Taïwan, il sera plus aisé, de par le SIG, de supprimer les éléments qui n'existent plus et de faire des analyses pour voir quels sont les conséquences que peuvent engendrer ce désastre.
- La réalisation de simulations spatio-temporelles pour comprendre des phénomènes et en anticiper d'autres. Dans [28], H. Bayoumi met en place un outil d'aide à la décision analysant les dynamiques socio-spatiales dans le cas de l'Egypte.
- Le stockage d'un grand nombre de données et leurs superpositions.
- L'étude de l'impact d'une construction.
- La superposition de cartes.
- La conversion d'objets géographiques d'un système à un autre.
- La mise en évidence de l'évolution d'une zone géographique.
- L'analyse d'un territoire.
- Le géocodage c'est-à-dire la transcription de coordonnées spatiales en adresses postales et inversement.
- De résoudre un certain nombre de problèmes tels que :
 1. La détection de zones sensibles lors d'avalanches, de glissement de terrains, de tremblement de terre. . .
 2. La détermination de l'état des routes dans un département.
 3. L'impact de l'introduction d'un produit toxique dans une zone donnée.
 4. . . .

L'un des avantages incontournables du SIG est qu'il permet le calcul des points d'intersections c'est-à-dire des relations entre les objets. Ce qui est appelé « topologie ». Ainsi, on évite les répétitions. En considérant une route située à proximité d'une école, on attribuera les mêmes sommets aux deux structures. Cependant, tous les logiciels SIG ne prennent pas en considération la topologie.

Il existe plusieurs logiciels de simulation SIG : Géotools [235], ArcGis [229], GMT, GRASS GIS [226], Mapfish [241], GEOSIG [234], 3DEM, Géoclip. . .

Le choix d'un logiciel SIG est basé sur l'information que l'on souhaite produire, sur les données dont on dispose et les analyses que l'on souhaite effectuer.

Discussion

Le SIG est un outil utilisé par de nombreux chercheurs pour considérer l'aspect spatial au niveau des recherches. C'est un outil puissant d'aide à la décision qui permet de gérer des informations de différents types (cartes, bases de données, photos aériennes. . .) et de les mettre à jour. Il met en relation des données graphiques et des données alphanumériques.

Toutefois, ce système rencontre quelques limites. Comme nous l'avons déjà mentionné, les données ne sont pas toujours disponibles et parfois inaccessibles. Elles peuvent également être protégées par les droits d'auteurs. De plus, pour des raisons politiques ou autres, il peut être interdit de publier des résultats, de diffuser des cartes. . .

De plus, l'une des difficultés majeures du SIG est l'incapacité de disposer plus de trois voire quatre variables sur une même carte à moins de recourir à l'iconographie des corrélations (transformation d'une matrice de corrélation en un graphe où les corrélations sont explicitées par un trait plein ou en pointillé en fonction de la nature de la corrélation respectivement positive ou négative). Le problème de lisibilité est constant afin de ne pas surcharger la carte. La représentation d'objets volumiques est quasiment impossible. Actuellement, peu de logiciels proposent d'associer à un point (x,y) une et une seule cote z.

On constate que l'utilisation d'un logiciel SIG au sein d'une analyse est pertinente mais des progrès restent encore à faire pour améliorer ce logiciel.

1.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les divers travaux existants dans les domaines ciblant notre thème de recherche. Nous avons pu constater le manque d'études dans le domaine de l'aide à la décision. C'est la raison pour laquelle nous avons ciblé notre recherche sur l'aboutissement d'un modèle d'aide à la décision dédié aux décideurs politiques.

D'autres part, les modèles de F. Carrat, utilisés par les autorités françaises lors de l'épidémie de grippe A/H1N1, qui sont fondés sur le modèle petit-monde n'a pas transmis des résultats satisfaisants.

Ainsi, nous proposons un nouveau concept mathématique, la prétopologie stochastique, que nous présentons dans le chapitre suivant.

Chapitre 2

MODELE DES RESEAUX STOCHASTIQUES

La particularité du modèle que nous proposons est de mettre la société, et les individus qui la composent, au centre du système. En effet, la société souffre des conséquences de la propagation d'une pandémie, mais en même temps, par ses pratiques sociales et culturelles, elle participe à cette propagation. C'est pourquoi, le concept de réseau social se révèle indispensable dans la modélisation de tout système visant à gérer une situation de crise engendrée par une pandémie.

Le concept de réseau social est souvent modélisé comme une famille de relations binaires réflexives définies sur un ensemble E fini [74]. Cependant, il faut noter que cette modélisation possède le défaut de ne pas prendre en compte les aspects parfois, voire souvent, aléatoires des relations humaines. Nous proposons donc le concept de réseaux stochastiques fondé sur le couplage de deux théories mathématiques : la prétopologie et les ensembles aléatoires. Avant de développer notre modèle, nous allons faire quelques rappels de chacune de ces théories.

2.1 Introduction

L'objectif principal de notre travail est de proposer un modèle mathématique pour modéliser de manière efficace les réseaux sociaux. Cela nous semble en effet indispensable si l'on veut pouvoir simuler de manière pertinente des phénomènes de diffusion dans lesquels les comportements individuels des individus de la société interviennent fortement dans le phénomène étudié. Ceci est le cas dans les situations d'épidémie ou de pandémie.

La seule virulence du virus ne suffisant pas à expliquer le phénomène de diffusion, les contacts entre individus restent un élément primordial de cette diffusion. Ces contacts se font à travers diverses relations entre les individus et selon des modalités difficiles à prévoir.

Les graphes aléatoires [96, 41, 189] se sont révélés un outil intéressant pour modéliser les réseaux sociaux complexes. Ils souffrent cependant d'une insuffisance importante : ils ne prennent en compte, de fait, qu'une relation entre les individus et, de surcroît, la supposent la plupart du temps non orientée. Nous postulons que, dans la réalité, les individus d'une société sont reliés par plusieurs relations et que celles-ci ne sont pas nécessairement symétriques. En revanche, nous pouvons faire l'hypothèse qu'elles sont réflexives.

Ce chapitre propose donc de développer notre modèle de la prétopologie stochastique qui généralise les graphes aléatoires en prenant en compte une famille de relations binaires réflexives entre individus et en les plongeant dans un contexte stochastique. Ce modèle s'appuie sur deux théories mathématiques : la prétopologie d'une part, la théorie des ensembles aléatoires d'autre part. Aussi, dans un premier paragraphe, nous rappellerons les concepts de prétopologie essentiels à la compréhension du modèle, et dans un second paragraphe les définitions de base sur les ensembles aléatoires. Dans le troisième paragraphe, nous présenterons le modèle, les premiers résultats obtenus ainsi que les indicateurs utiles qui peuvent en être dérivés pour l'analyse « topologique » du réseau. Ces résultats seront ensuite, dans le chapitre 3 associés au modèle de simulation que nous proposons.

2.2 Rappels de prétopologie

La prétopologie a été définie dès la fin des années 20 [110, 111, 112] puis elle a connu un nouvel essor dans les années 60 à la suite de questionnements en provenance des sciences humaines et sociales [60, 17, 15, 16, 53, 54, 89]. Elle a été obtenue par affaiblissement de l'axiomatique de la topologie mathématique pour fournir un outil mathématique mieux adapté à l'analyse des phénomènes rencontrés dans des espaces discrets. De fait, elle généralise également la théorie des graphes, c'est sur ce dernier point que nous avons basé notre raisonnement pour construire notre modèle.

2.2.1 Espaces prétopologiques

Étant donné un ensemble E non vide, on définit deux applications $a(\cdot)$ et $i(\cdot)$ de $\mathcal{P}(E)$ dans lui-même de la manière suivante :

Définition 2.2.1 *La fonction $a(\cdot)$ est telle que :*

$$P1 : a(\emptyset) = \emptyset$$

$$P2 : \forall A, A \subset E, A \subset a(A).$$

Définition 2.2.2 *La fonction $i(\cdot)$ est telle que :*

$$i(E) = E$$

$$\forall A, A \subset E, i(A) \subset A.$$

L'application $a(\cdot)$ est appelée adhérence, l'application $i(\cdot)$ est appelée intérieur. Un espace prétopologique est alors défini de la manière suivante.

Définition 2.2.3 *On appelle espace prétopologique le triplet $(E, i(\cdot), a(\cdot))$.*

Remarque 2.2.1 *En général, les deux applications $a(\cdot)$ et $i(\cdot)$ sont définies en dualité :*

$\forall A \subset E, i(A) = (a(A^c))^c$ où A^c désigne le complémentaire de A dans E . Nous nous placerons dans ce cas à partir de maintenant.

De fait, on peut munir $a(\cdot)$, et $i(\cdot)$, de propriétés supplémentaires qui conduisent à définir des espaces prétopologiques plus spécifiques ; ces propriétés sont, en ce qui concerne $a(\cdot)$:

- P3 : $\forall A, A \subset E, \forall B, B \subset E, A \subset B \implies a(A) \subset a(B)$
- P4 : $\forall A, A \subset E, \forall B, B \subset E, a(A \cup B) = a(A) \cup a(B)$
- P5 : $\forall A, A \subset E, a(A) = \bigcup_{x \in A} a(\{x\})$
- P6 : $\forall A \subset E, a(a(A)) = a(A)$

Ces propriétés se définissent de la même façon pour $i(\cdot)$ par dualité. Selon les propriétés possédées par $a(\cdot)$ (ou $i(\cdot)$), on obtient des espaces prétopologiques de nature différente.

Définition 2.2.4 *$(E, i(\cdot), a(\cdot))$ est dit un espace de type \mathcal{V} si et seulement si $a(\cdot)$ possède les propriétés P1, P2 et P3.*

Définition 2.2.5 *$(E, i(\cdot), a(\cdot))$ est dit un espace de type \mathcal{V}_D si et seulement si $a(\cdot)$ possède les propriétés P1, P2 et P4.*

Définition 2.2.6 *$(E, i(\cdot), a(\cdot))$ est dit un espace de type \mathcal{V}_s si et seulement si $a(\cdot)$ possède les propriétés P1, P2 et P5.*

Et enfin :

Définition 2.2.7 *$(E, i(\cdot), a(\cdot))$ est un espace topologique si et seulement si $a(\cdot)$ possède les propriétés P1, P2, P4 et P6.*

Remarque 2.2.2 *Il est essentiel de bien comprendre qu'en prétopologie, les applications $a(\cdot)$ et $i(\cdot)$ ne sont pas supposées idempotentes, à l'inverse de ce qui se passe en topologie mathématique. En effet, l'application $a(\cdot)$ permet de modéliser tout phénomène d'extension ou de diffusion : $a(A)$ peut s'interpréter comme la zone influencée par A ou comme la zone atteinte à partir de A dans un phénomène de diffusion. La non idempotence de $a(\cdot)$ permet donc de suivre pas à pas le phénomène de diffusion qu'elle modélise : $a(A)$ représente la première étape du processus, $a^2(A) = a(a(A))$, le seconde étape du processus, etc.*

La figure 2.1 illustre cette remarque.

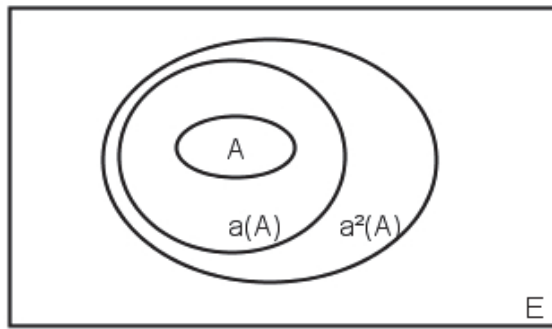


FIGURE 2.1 – Suivi d'un processus de diffusion.

Compte tenu, de leur importance dans les applications, nous allons nous intéresser plus particulièrement aux espaces de type \mathcal{V} . En effet, ceux-ci sont suffisamment généraux pour pouvoir être utilisés dans une multitude d'applications et la propriété P3 qu'ils possèdent permet de définir de manière utile le concept de voisinage.

Définition 2.2.8 *Pour tout x de E , on dit que $V, V \subset E$ est un voisinage de x si et seulement si $x \in i(V)$. L'ensemble des voisinages de x est alors noté $\mathcal{V}(x)$.*

Il est immédiat de noter que $\forall x \in E, \forall V \in \mathcal{V}(x), \forall W \in \mathcal{V}(x), V \cap W \neq \emptyset$ puisque $x \in V$ et $x \in W$.

\mathcal{V} est donc un préfiltre de parties de E .

Réciproquement, étant donné, pour tout point x de E un préfiltre $\mathcal{W}(x)$ de parties de E , peut-on construire un espace prétopologique de type \mathcal{V} et, si oui, comment se situe la famille $\mathcal{V}(x)$ des voisinages de x par rapport au préfiltre $\mathcal{W}(x)$ initial ? Le résultat suivant répond à cette question.

Propriété 2.2.1 *Soit, pour tout élément x de E , un préfiltre $\mathcal{W}(x)$ de parties de E qui contiennent x . Si on définit les applications $a(\cdot)$ et $i(\cdot)$ de $\mathcal{P}(E)$ dans lui même de la manière suivante :*

$\forall A \subset E, i(A) = \{x \in E / \exists V \in \mathcal{W}(x), V \subset A\}$
 $\forall A \subset E, a(A) = \{x \in E / \forall V \in \mathcal{W}(x), V \cap A \neq \emptyset\}$
 alors $(E, i(\cdot), a(\cdot))$ est un espace prétopologique de type \mathcal{V} et $\forall x \in E$ la famille des voisinages de x est $\mathcal{W}(x)$.

La preuve de cette proposition peut être trouvée dans Belmandt [31].

Exemple 2.2.1 Exemples d'espace de type \mathcal{V}

1 - Considérons un ensemble E de cardinal fini et une famille $\mathcal{R}_i, i = 1, \dots, p$ de relations binaires réflexives définies sur E . Posons :

$$\forall A \subset E, a(A) = \{x \in E / \forall i = 1, \dots, p, \Gamma_i(x) \cap A \neq \emptyset\}$$

$$\forall A \subset E, i(A) = \{x \in E / \exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(x) \subset A\}$$

où $\Gamma_i(x) = \{y \in E / x\mathcal{R}_iy\}$

L'espace $(E, i(\cdot), a(\cdot))$ ainsi défini est bien un espace de type \mathcal{V} .

2 - Considérons un ensemble E de cardinal fini et une famille $\mathcal{R}_i, i = 1, \dots, p$ de relations binaires réflexives définies sur E . Posons :

$$\forall A \subset E, a(A) = \{x \in E / \exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(x) \cap A \neq \emptyset\}$$

$$\forall A \subset E, i(A) = \{x \in E / \forall i = 1, \dots, p, \Gamma_i(x) \subset A\}$$

où $\Gamma_i(x) = \{y \in E / x\mathcal{R}_iy\}$

L'espace $(E, i(\cdot), a(\cdot))$ ainsi défini est bien un espace de type \mathcal{V} .

Remarque 2.2.3 Cet exemple met en évidence deux points intéressants :

- Les diverses possibilités qu'il y a pour associer une structure prétopologique à une famille de relations binaires réflexives définies sur un ensemble fini E . Nous y reviendrons par la suite.
- L'intérêt pratique qu'il y a d'utiliser le concept de bases de voisinages pour définir les familles de voisinages des éléments de l'ensemble.

Comme en topologie, une base de voisinages est définie de la manière suivante :

Définition 2.2.9 Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$ de type \mathcal{V} dont les éléments x ont pour famille de voisinages le préfiltre $\mathcal{V}(x)$, on appelle base de voisinages de x , toute famille $\mathcal{B}(x)$ telle que :

$\forall x \in E, \forall V \in \mathcal{V}, \exists B \in \mathcal{B}(x)$ tel que $B \subset V$.

On obtient alors le résultat suivant :

Propriété 2.2.2 *Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$ de type \mathcal{V} dont les éléments x ont pour base de voisinages $\mathcal{B}(x)$, alors :*

$$\forall A \subset E, i(A) = \{x \in E / \exists B \in \mathcal{B}(x), B \subset A\}$$

$$\forall A \subset E, a(A) = \{x \in E / \forall B \in \mathcal{B}(x), B \cap A \neq \emptyset\}$$

La preuve de cette proposition peut être trouvée dans Belmandt [31].

Remarque 2.2.4 *L'exemple précédent a utilisé ces deux concepts pour construire le premier espace prétopologique associé à la famille de relations binaires réflexives $\mathcal{R}_i, i = 1, \dots, p$. La base $\mathcal{B}(x)$ est $\mathcal{B}(x) = \{\Gamma_i(x), i = 1, \dots, p\}$.*

2.2.2 Ouverture et fermeture dans les espaces prétopologiques

Comme en topologie mathématique, on peut définir les notions de sous-ensemble ouvert et de sous-ensemble fermé d'un espace prétopologique.

Définition 2.2.10 *Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$, on dit que :*

- *A est un sous ensemble fermé si et seulement si $A = a(A)$*
- *A est un sous ensemble ouvert si et seulement si $A = i(A)$*

On voit tout l'intérêt de ces deux notions dans l'application à l'analyse des phénomènes de diffusion. Si E est une zone spatiale sur laquelle un phénomène de diffusion est modélisé par l'application $a(\cdot)$, dire qu'un sous-ensemble A de E est fermé revient à dire que ce sous-ensemble ne diffuse pas. De la même manière dire que ce sous ensemble est ouvert signifie qu'il ne reçoit pas d'influence due à la diffusion de l'extérieur.

Exemple 2.2.2 *Reprenons l'exemple précédent avec le deuxième espace prétopologique construit à partir de la famille de relations binaires réflexives $\mathcal{R}_i, i = 1, \dots, p$. Supposons que $A \subset E$ soit un sous ensemble fermé de E .*

$$A = a(A)$$

$$\Leftrightarrow$$

$$a(A) \subset A$$

$$\Leftrightarrow$$

$$\forall x \in E, (\exists i, i = 1, \dots, p, \Gamma_i(x) \cap A \neq \emptyset) \implies x \in A$$

$$\Leftrightarrow$$

$$\forall x \in A^c, \forall y \in A, \forall i, i = 1, \dots, p, \neg(x\mathcal{R}_iy)$$

On voit donc que dans ce cas, pour tout point du complémentaire de A , il est impossible de trouver un point dans A qui soit en relation avec lui, quelque soit la relation. Si la famille de relations traduit un tissu de relations sociales entre les individus, dire que A est fermé revient à dire qu'il s'agit d'un groupe d'individus socialement isolés au sens où aucun individu hors de A n'a de relations avec un individu de A . Cependant, comme les relations ne sont pas supposées

symétriques, cela n'empêche pas que des individus de A aient des relations avec des individus hors de A . Il peut exister des relations sortantes de A , mais il ne peut pas exister de relations entrantes dans A (se référer à la figure 2.2).

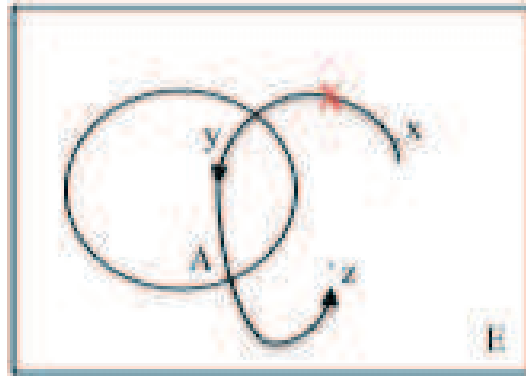


FIGURE 2.2 – A fermée : pas de relation entrante.

De la même manière, supposons A ouvert. Cela signifie :

$$A = i(A)$$

$$\Leftrightarrow$$

$$A \subset i(A)$$

$$\Leftrightarrow$$

$$\forall x, (x \in A) \Rightarrow x \in i(A)$$

$$\Leftrightarrow$$

$$\forall x, (x \in A) \Rightarrow \forall i, i = 1..p, \Gamma_i(x) \subset A$$

Ce qui signifie que lorsque A est une partie ouverte de E , aucun individu de A n'a de relations avec un individu hors de A . Cependant, comme les relations ne sont pas supposées symétriques, cela n'empêche pas que des individus hors de A aient des relations avec des individus dans A . Il peut exister des relations entrantes dans A , mis il ne peut pas exister de relations sortantes de A (se référer à la figure 2.3).

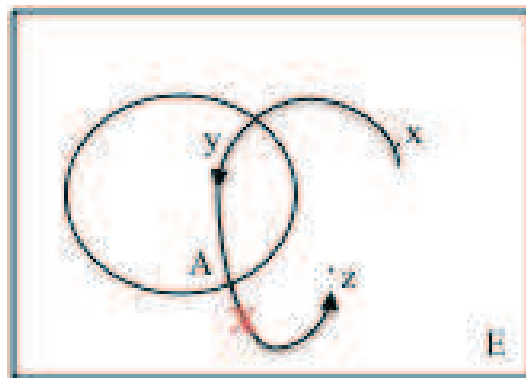


FIGURE 2.3 – A ouverte : pas de relation sortante.

Nous pouvons à présent poser :

Définition 2.2.11 *Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$, on appelle :*

- *fermeture de A , le plus petit fermé, noté $F(A)$, contenant A , soit l'intersection de tous les fermés contenant A .*
- *ouverture de A , le plus grand ouvert, noté $O(A)$, contenu dans A , soit la réunion de tous les ouverts inclus dans A .*

Dans les espaces de type \mathcal{V} , les parties ouvertes ainsi que les parties fermées peuvent être caractérisées par le résultat suivant :

Propriété 2.2.3 *Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$,*

- *A est ouvert si et seulement si A est voisinage de chacun de ses points.*
- *Soit $x \in E$ et $V \subset E$, s'il existe un ouvert A tel que $\{x\} \subset A \subset V$, alors V est un voisinage de x . En général, la réciproque est fausse.*
- *Toute réunion d'ouverts est un ouvert.*
- *Toute intersection de fermés est un fermé.*

Preuve dans Belmandt [31].

De manière générale, dans un espace prétopologique quelconque, l'ouverture et la fermeture d'une partie peuvent ne pas exister. Cependant, le résultat suivant donne un élément supplémentaire en faveur des espaces de type \mathcal{V} . La proposition précédente permet d'affirmer :

Propriété 2.2.4 *Dans un espace prétopologique de type \mathcal{V} , l'ouverture et la fermeture de tout sous ensemble existent toujours.*

La démonstration de ce résultat peut être trouvée dans Belmandt [31].

2.2.3 Les fonctions de la prétopologie

Les fonctions d'adhérence et d'intérieur sont les deux fonctions de base des espaces prétopologiques. Cependant, comme en topologie, d'autres fonctions peuvent être définies et se révèlent très utiles dans l'analyse de la structure d'un ensemble E . Nous présentons ces différentes fonctions que nous utiliserons dans le cas des espaces de type \mathcal{V} .

Définition 2.2.12 *Étant donné un espace prétopologique $(E, i(\cdot), a(\cdot))$,*

- *On appelle dérivé de A l'ensemble défini par :*

$$\forall A, A \in \mathcal{P}(E), d(A) = \{x \in E / (\mathcal{B}(x) - \{x\}) \cap A \neq \emptyset\}$$
- *On appelle cohérence de A l'ensemble défini par : $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), c(A) = A \cap d(A)$*

- On appelle *bord de A* (ou *semi-frontière intérieure*) l'ensemble défini par :
 $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), b(A) = A - i(A)$
- On appelle *orle de A* (ou *semi-frontière extérieure*) l'ensemble défini par :
 $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), o(A) = a(A) - A$
- On appelle *frontière de A* l'ensemble défini par : $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), fr(A) = b(A) \cup o(A)$
- On appelle *extérieur de A* l'ensemble défini par : $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), e(A) = [a(A)]^c$.

Remarque 2.2.5 L'adhérence d'une partie A de E peut être redéfinie par
 $\forall A, A \in \mathcal{P}(E), a(A) = A \cup d(A)$.

Ces fonctions présentent un intérêt tout particulier dans le cas d'espaces de type \mathcal{V} définis à partir d'une famille de relations. L'exemple suivant illustre cela.

Exemple 2.2.3 Considérons l'ensemble $E = \{s, t, u, v, w, x, y, z\}$, sur lequel est définie une relation binaire \mathcal{R} telle que (se référer à la figure 2.4) :

$$\Gamma(s) = \{s, t\}$$

$$\Gamma(t) = \{t\}$$

$$\Gamma(u) = \{u, v, x, z\}$$

$$\Gamma(v) = \{v\}$$

$$\Gamma(w) = \{s, v, w, x, z\}$$

$$\Gamma(x) = \{t, v, x\}$$

$$\Gamma(y) = \{v, y, z\}$$

$$\Gamma(z) = \{z\}$$

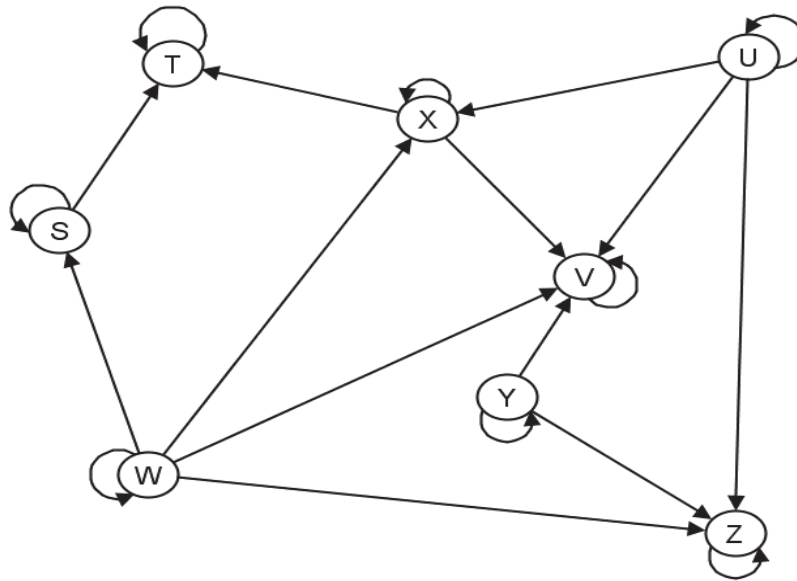


FIGURE 2.4 – Exemple avec un type de relation.

Considérons $A = \{x, y, z\}$ (se référer à la figure 2.5).

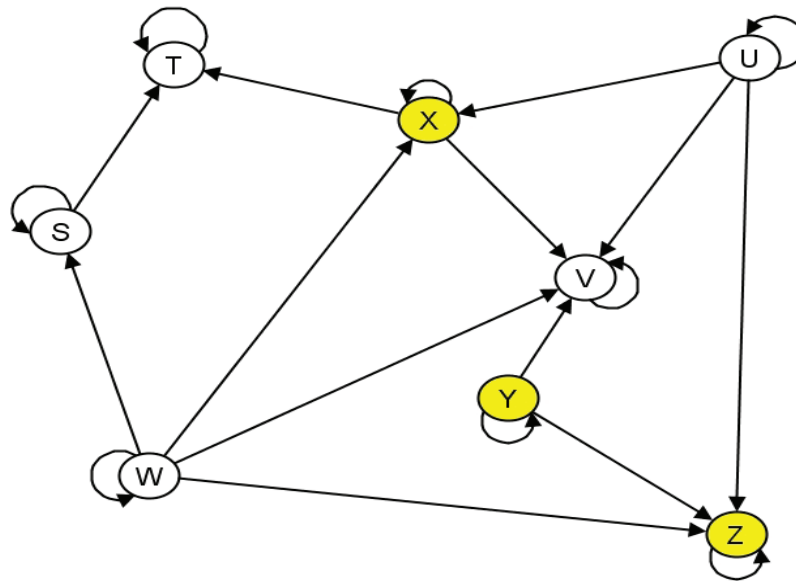


FIGURE 2.5 – sous ensemble A.

Alors :

$a(A) = \{u, w, x, y, z\}$ (se référer à la figure 2.6).

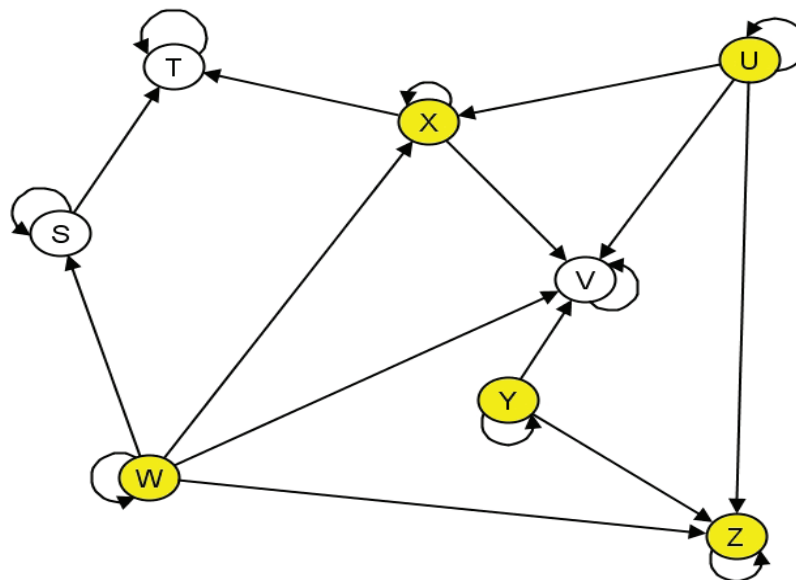


FIGURE 2.6 – Adhérence de A.

$d(A) = \{u, w, y\}$ (se référer à la figure 2.7).

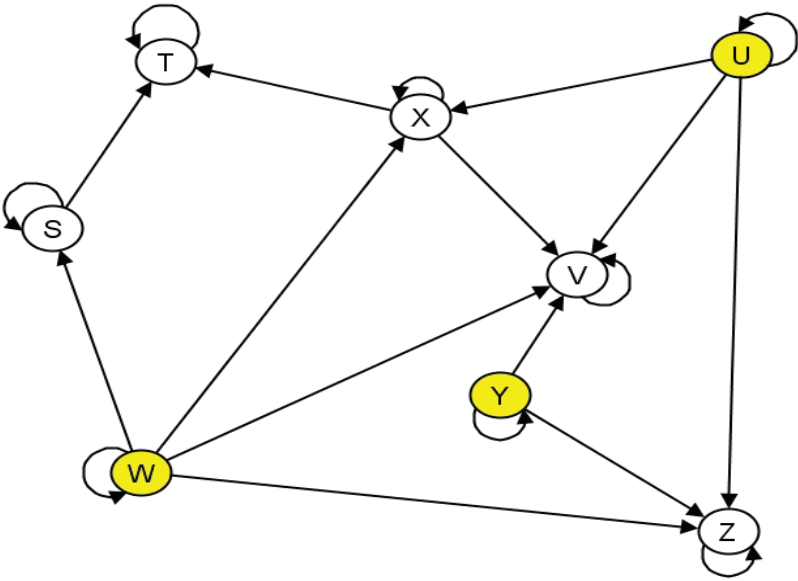


FIGURE 2.7 – Dérive de A.

$i(A) = \{z\}$ (se référer à la figure 2.8).

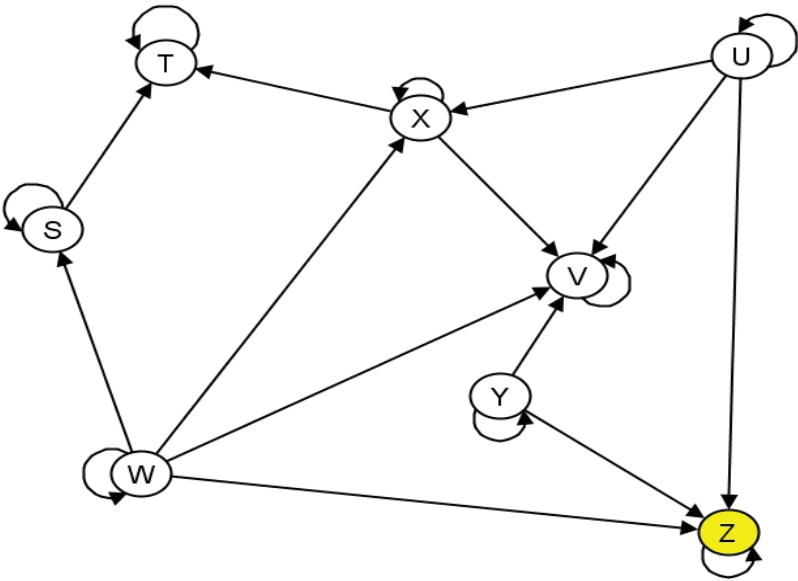


FIGURE 2.8 – Intérieur de A.

$o(A) = \{u, w\}$ (se référer à la figure 2.9).

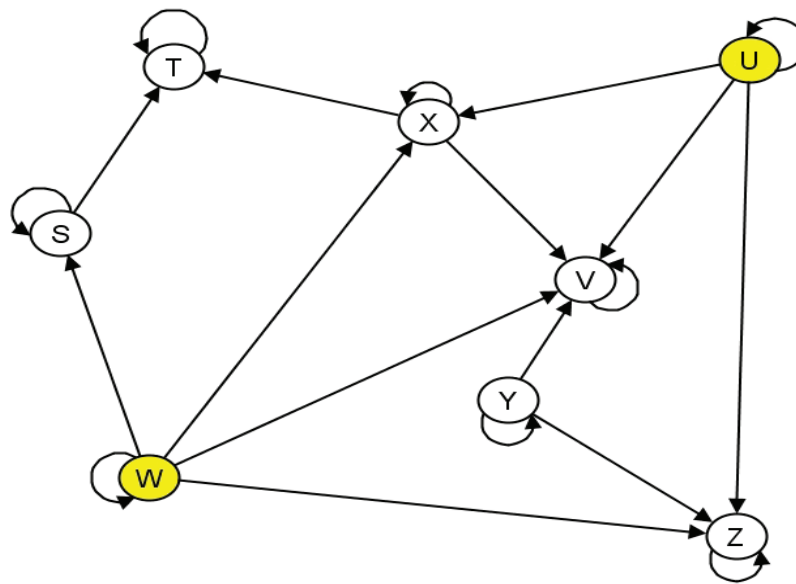


FIGURE 2.9 – Orle de A.

$b(A) = \{x, y\}$ (se référer à la figure 2.10).

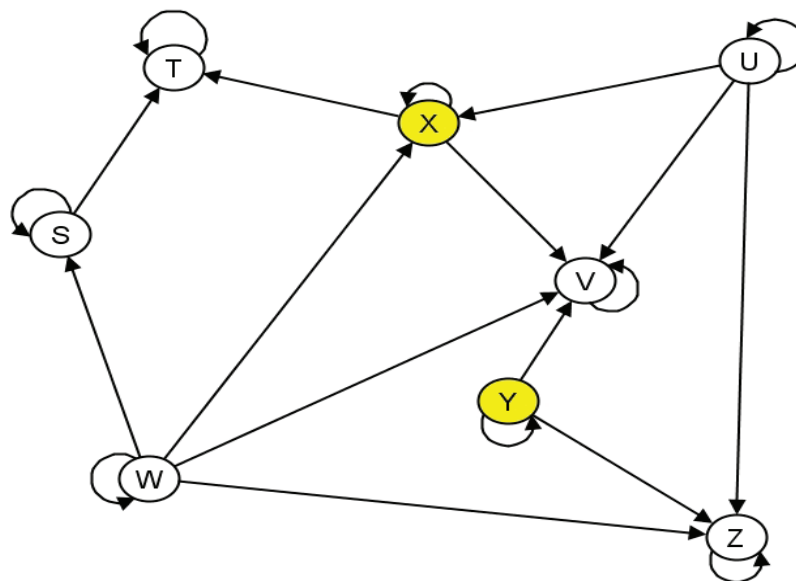


FIGURE 2.10 – Bord de A.

$fr(A) = \{u, w, x, y\}$ (se référer à la figure 2.11).

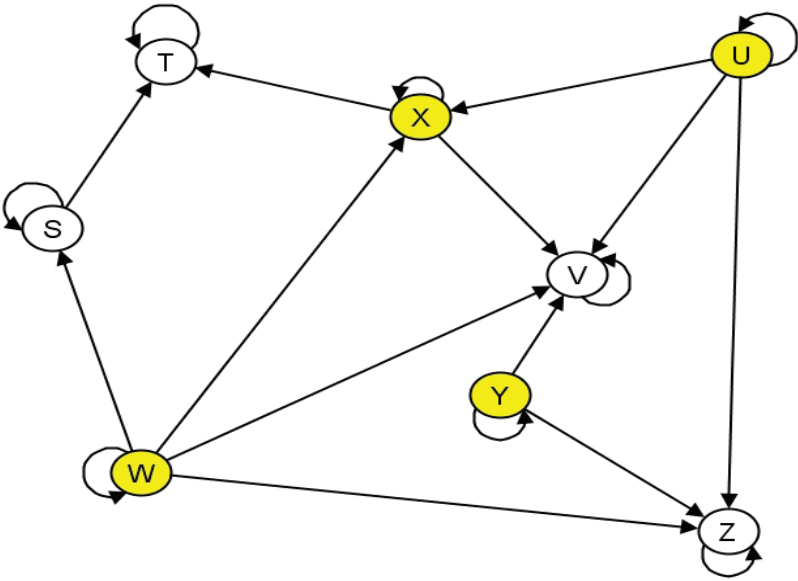


FIGURE 2.11 – Frontière de A.

$c(A) = \{y\}$ (se référer à la figure 2.12).

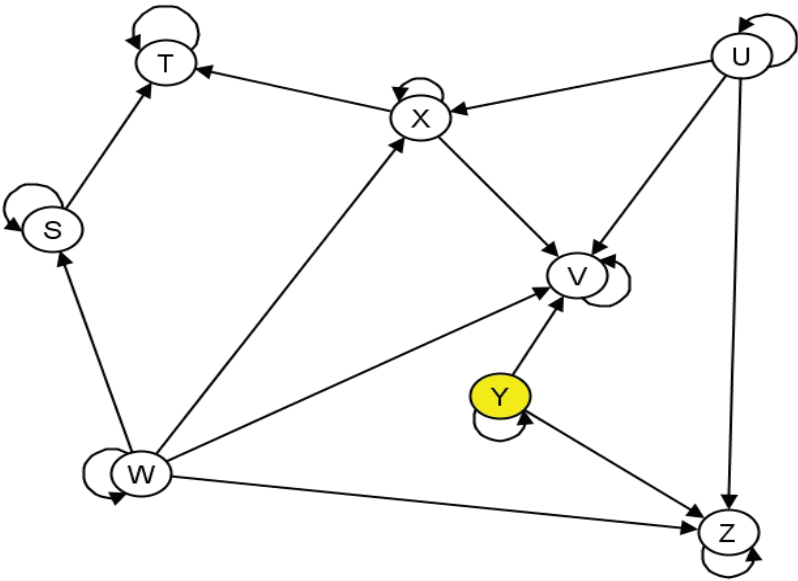


FIGURE 2.12 – Cohérence de A.

$e(A) = \{s, t, v\}$ (se référer à la figure 2.13).

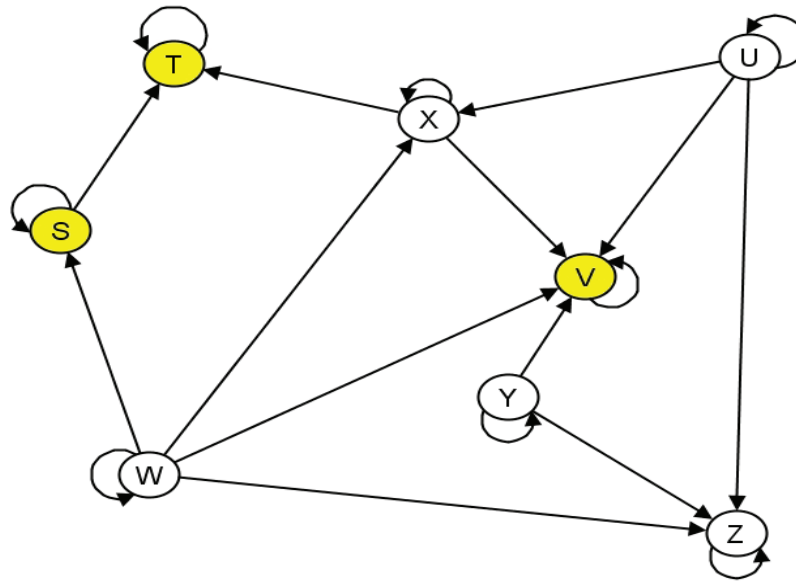


FIGURE 2.13 – Extérieur de A.

De la même manière que pour l'adhérence et l'intérieur, les résultats fournis par ces différentes fonctions sont interprétables en termes des relations qui sont à la base de la définition de l'espace prétopologique, donc en termes de réseau social.

Ainsi donc, la prétopologie se révèle ainsi un outil tout à fait adapté à l'analyse « topologique » des réseaux. Cependant, nous avons constaté qu'elle ne suffit pas pour prendre pleinement en compte des phénomènes liés à la diffusion d'une épidémie au sein d'un réseau. En effet, de multiples facteurs peuvent influencer la structure même du réseau, facteurs qui ne sont pas nécessairement contrôlables. C'est le cas notamment des comportements des membres du réseau qui sont souvent non prédictibles et peuvent obéir à des logiques diverses et non connues de l'observateur. Ces logiques peuvent amener les membres du réseau à modifier leurs connexions avec d'autres membres, donc à modifier aléatoirement, pour l'observateur, la structure du réseau.

Face à cette interrogation, nous avons jugé nécessaire d'introduire un modèle stochastique au sein de la prétopologie, de manière à prendre en compte cette incertitude sur la structure du réseau pour proposer un modèle de réseau stochastique, généralisant le concept de graphes aléatoires.

Pour cela, nous proposons la prétopologie stochastique qui est fondée sur la prétopologie d'une part et sur des résultats connus relatifs aux ensembles aléatoires. Nous rappelons les éléments nécessaires sur les ensembles aléatoires dans le paragraphe suivant avant de développer notre modèle de prétopologie stochastique.

2.3 Éléments sur les ensembles aléatoires

Les ensembles aléatoires ont trouvé des applications très variées, tant dans le domaine des sciences dures avec la géomorphologie que dans le domaine des sciences humaines et sociales avec l'économie par exemple. En particulier, dans ce dernier domaine, les ensembles aléatoires ont été à la base des travaux de Gérard Debreu, prix Nobel d'économie en 1983.

2.3.1 Les ensembles aléatoires : définitions de mesurabilité

Leur définition, généralisation de la définition d'une variable aléatoire, utilise le concept de mesurabilité puisqu'un ensemble aléatoire est une correspondance mesurable. Sous certaines conditions, trois définitions de mesurabilité existent :

Définition 2.3.1 *Considérons (Ω, \mathcal{A}) un espace probabilisable et (E, \mathcal{T}) un espace topologique, $\Gamma : \Omega \dashrightarrow E$ est mesurable au sens I si et seulement si*
 $\forall F \in \mathcal{F}(E), \{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega) \cap F \neq \emptyset\} \in \mathcal{A}$
où $\mathcal{F}(E)$ désigne la famille des fermés de (E, \mathcal{T}) .

Définition 2.3.2 *Considérons (Ω, \mathcal{A}) un espace probabilisable et (E, \mathcal{T}) un espace topologique, $\Gamma : \Omega \dashrightarrow E$ est mesurable au sens II si et seulement si*
 $G(\Gamma) \in \mathcal{A} \otimes \mathcal{B}(E)$
où $G(\Gamma)$ désigne le graphe de la correspondance Γ , c'est à dire
 $G(\Gamma) = \{(\omega, x) \in \Omega \times E / x \in \Gamma(\omega)\},$
et où $\mathcal{B}(E)$ désigne la famille des boréliens de (E, \mathcal{T}) .

Définition 2.3.3 *Considérons (Ω, \mathcal{A}) un espace probabilisable et (E, \mathcal{T}) un espace topologique, $\Gamma : \Omega \dashrightarrow E$ est mesurable au sens III si et seulement si*
 $\forall A \in \mathcal{B}(E), \Gamma^{-1}(A) \in \mathcal{A}$
où $\Gamma^{-1}(A) = \{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega) \in A\}$

On peut établir un lien entre ces trois définitions dans le cas où l'espace probabilisé est complet et localement compact et $E = \mathbb{R}^n$.

Propriété 2.3.1 *Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé complet, Ω étant localement compact, $\Gamma : \Omega \dashrightarrow \mathbb{R}^n$, les trois notions de mesurabilité définies précédemment sont équivalentes.*

La preuve peut être trouvée dans Lamure [144].

2.3.2 L'intégrabilité des ensembles aléatoires

Avec le résultat précédent, nous ne précisons pas en quel sens une correspondance est mesurable et nous parlerons simplement d'ensembles aléatoires. Trois notions d'intégrabilité peuvent être proposées.

Intégrabilité au sens de Aumann

La première notion d'intégrabilité d'un ensemble aléatoire a été proposée par Robert J. Aumann. Elle se fonde sur le concept de sélection intégrable.

Définition 2.3.4 *Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé, $\Gamma : \Omega \multimap E$. On dit qu'une application $f : \Omega \mapsto E$ est une sélection de Γ si et seulement si :*
 $\forall \omega \in \Omega, f(\omega) \in \Gamma(\omega)$

Cette définition conduit à la suivante :

Définition 2.3.5 *Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé, $\Gamma : \Omega \multimap E$. On dit que Γ est intégrable au sens de Aumann si et seulement si Γ admet une sélection intégrable. Si $\mathcal{S}(\Gamma)$ désigne l'ensemble des sélections intégrables de Γ , alors l'intégrale de Γ au sens de Aumann est définie par $\int \Gamma = \{\int f / \forall f \in \mathcal{S}(\Gamma)\}$.*

Intégrabilité au sens classique

Une deuxième définition s'appuie sur la notion d'ensemble aléatoire \mathcal{A} simple pour construire un concept d'intégrale de manière analogue à ce qui se fait pour les fonctions ordinaires.

Définition 2.3.6 *Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé, Γ est un ensemble aléatoire \mathcal{A} simple si et seulement si*

$$\Gamma = \bigcup_{i=1}^n (K_i \cap I_{A_i})$$

où $\forall i, i = 1, \dots, n$ $K_i \in \mathcal{P}(E)$ et où I_{A_i} désigne l'ensemble indicateur de A_i , c'est à dire : $I_{A_i}(\omega) = E$ si $\omega \in A_i$ et $I_{A_i}(\omega) = \emptyset$ si $\omega \notin A_i$.

L'intégrale d'un ensemble aléatoire \mathcal{A} simple se définit alors comme suit en utilisant les opérations de Minkovski :

$$\int \Gamma = \sum_{i=1}^n K_i p(A_i)$$

On définit ensuite ce qu'est une suite Δ -Cauchy d'ensembles aléatoires.

Définition 2.3.7 Une suite d'ensembles aléatoires $(\Gamma_n)_n$ \mathcal{A} simple est dite Δ -Cauchy si et seulement si

$$\forall \epsilon > 0, \forall \eta > 0, \exists n_0, \forall p, \forall q (p > n_0, q > n_0 \implies \Delta(\Gamma_p, \Gamma_q) < \epsilon)$$

où $\Delta(\Gamma_p, \Gamma_q) = \int_{\Omega} \delta(\Gamma_p(\omega), \Gamma_q(\omega)) p(d\omega)$
et δ désigne la distance de Hausdorff.

Il est alors possible de définir l'intégrale d'un ensemble aléatoire Γ de la manière suivante :

Définition 2.3.8 Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé, $\Gamma : \Omega \multimap E$ est intégrable au sens classique si et seulement si il existe une suite $(\Gamma_n)_n$ \mathcal{A} simple Δ -Cauchy qui converge en probabilité vers Γ . On pose alors

$$\int \Gamma = \lim_{n \rightarrow \infty} \int \Gamma_n$$

Intégrabilité au sens de Debreu

Enfin, un cas particulier important a été étudié par Gérard Debreu. Il s'agit du cas où un ensemble aléatoire est à valeurs compactes convexes non vides de \mathbb{R}^n .

Définition 2.3.9 Considérons (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé, $\Gamma : \Omega \multimap \mathbb{R}^n$, à valeurs compactes convexes non vides. On dit que Γ est intégrable au sens de Debreu si et seulement si il existe une suite $(\Gamma_n)_n$ \mathcal{A} simple Δ -Cauchy à valeurs compactes convexes non vides qui converge en probabilité vers Γ . On pose alors

$$\int \Gamma = \lim_{n \rightarrow \infty} \int \Gamma_n$$

2.4 Le modèle de la prétopologie stochastique

Le modèle de la prétopologie stochastique se fonde simultanément sur les concepts de la prétopologie et ceux relatifs aux ensembles aléatoires. Il sera développé dans le cadre de la donnée initiale d'une famille de relations binaires réflexives définie sur un ensemble fini E . Il peut être défini dans d'autres cadres [32, 33, 43, 152], mais nous nous limiterons à la présentation proposée compte tenu du domaine d'application.

2.4.1 Définition de la prétopologie stochastique

Dans toute la suite, nous considérons un espace probabilisé (Ω, \mathcal{A}, p) , un ensemble E non vide de cardinal fini n . Pour tout $i = 1, \dots, p$, pour tout $\omega \in \Omega$, $\mathcal{R}_i(\omega)$ désigne une relation binaire réflexive définie sur E . $\mathcal{R}(E)$ désigne l'ensemble de toutes les relations binaires définies sur E .

Tout élément $\mathcal{R}_i(\omega)$ de $\mathcal{R}(E)$ est caractérisé par la correspondance suivante :

$$\Gamma_i(\omega, x) = \{y \in E / x\mathcal{R}_i(\omega)y\}$$

E est muni de la topologie discrète \mathcal{T}_d .

Par conséquent, $\forall x, \Gamma(\cdot, x)$ est un ensemble aléatoire si et seulement si :

$$\forall F \in \mathcal{F}(E), \{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega) \cap F \neq \emptyset\} \in \mathcal{A}$$

Dans notre cas, E étant de cardinal fini, cette condition se réduit à :

$$\forall F \in \mathcal{P}(E), \{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega) \cap F \neq \emptyset\} \in \mathcal{A}$$

Dans la suite de cette partie, nous supposons que $\Gamma(\cdot, x)$ est un ensemble aléatoire pour tout $x \in E$.

Exemple 2.4.1 *Considérons les relations binaires dont les graphes sont illustrés par les figures 2.14, 2.15, 2.16 et 2.17. Chacune de ces relations correspond à un évènement aléatoire ω_i de probabilité p_i .*

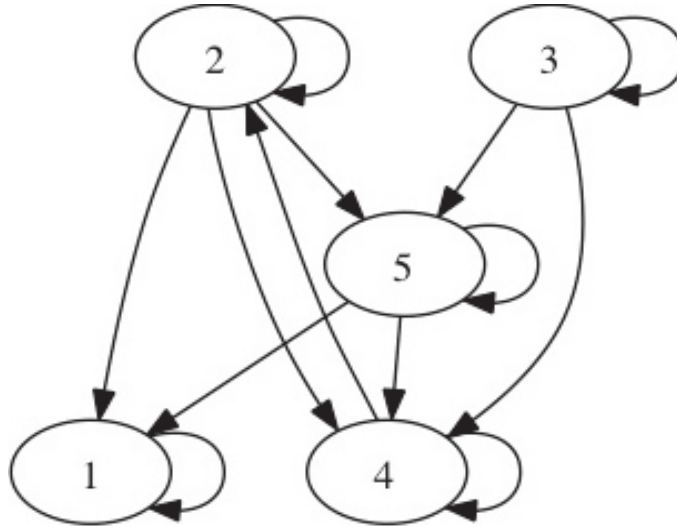
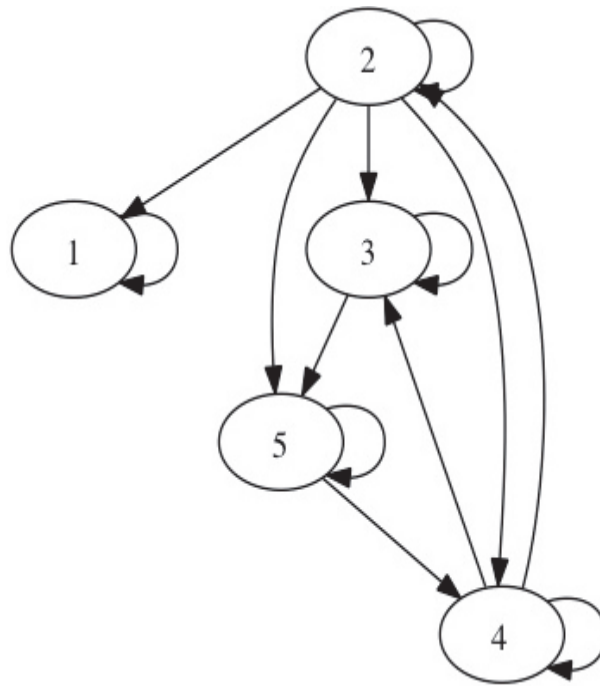
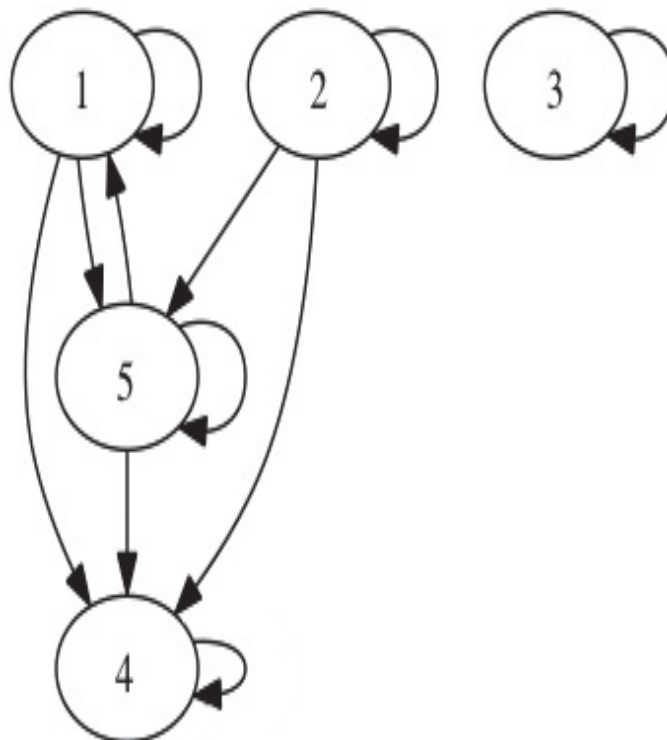
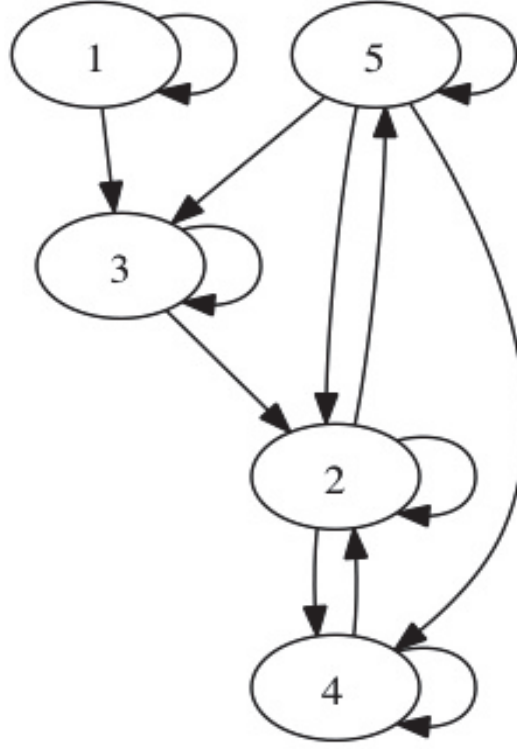


FIGURE 2.14 – Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_1)$.

FIGURE 2.15 – Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_2)$.FIGURE 2.16 – Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_3)$.

FIGURE 2.17 – Graphe schématisant la relation $\mathcal{R}(\omega_4)$.

Pour tout x de E , pour tout y de E , on se donne $Pr(\{\omega/y \in \Gamma(\omega, x)\})$ et on suppose, en général, que :

$\forall x \in E, \forall x' \in E, \forall y \in E, \forall y' \in E$, les évènements $\{\omega/y \in \Gamma(\omega, x)\}$ et $\{\omega/y' \in \Gamma(\omega, x')\}$ sont indépendants.

Il est alors évident, par construction, que :

$\forall x \in E, \Gamma(., x) : \Omega \multimap E$ est mesurable. De plus, on peut aisément calculer

$$\forall A \subset E, Pr(\{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega, x) = A\})$$

.

En effet, $\Gamma(\omega, x) = A$ signifie que $\forall y \in A, x\mathcal{R}(\omega)y$ et $\forall y \in A^c, \neg(x\mathcal{R}(\omega)y)$.

Donc :

$$Pr(\{\omega \in \Omega / \Gamma(\omega, x) = A\}) = \prod_{y \in A} Pr(\{\omega \in \Omega / x\mathcal{R}(\omega)y\}) \prod_{y \in A^c} (1 - Pr(\{\omega \in \Omega / x\mathcal{R}(\omega)y\}))$$

Nous allons à présent construire la structure prétopologique associée à une relation binaire réflexive aléatoire. Considérons l'application :

$\forall \omega \in \Omega, a(., .) : (\Omega, \mathcal{A}, p) \times \mathcal{P}(E) \multimap E$ définie par :

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(\omega, A) = \{x \in E / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$$

Alors :

Propriété 2.4.1 *Étant donné un espace probabilisé (Ω, \mathcal{A}, p) et une relation binaire réflexive aléatoire $\mathcal{R}(\cdot)$ définie sur (Ω, \mathcal{A}, p) , l'application définie par*

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(\omega, A) = \{x \in E / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$$

est une fonction d'adhérence et également un ensemble aléatoire.

Preuve Considérons la correspondance $\Phi_{x,A}, \forall x \in E, \forall A \subset E$ définie comme suit :

$$\Phi_{x,A}(\omega) \begin{cases} = \{x\} & \text{si } \omega \in \{\omega / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\} \in \mathcal{A} \\ = \emptyset & \text{si } \omega \in \{\omega / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}^c \in \mathcal{A} \end{cases}$$

Donc $\Phi_{x,A}(\cdot)$ est une multiapplication mesurable \mathcal{A} simple à valeurs étagées et on note que

$$\bigcup_{x \in E} \Phi_{x,A} = \bigcup_{x \in E} \{x\} = a(\omega, A)$$

donc $\omega \mapsto a(\omega, A)$ est une réunion finie d'ensembles aléatoires et en tant que tel un ensemble aléatoire lui même.

CQFD.

Définition 2.4.1 *On appelle réseau stochastique complexe défini sur un ensemble E fini, la donnée d'une famille de relations binaires aléatoires $(\mathcal{R}_i(\cdot))_{i=1,\dots,p}$ définies sur (Ω, \mathcal{A}, p) et à valeurs dans l'ensemble des relations binaires réflexives définies sur E .*

Supposons maintenant que nous avons une famille finie de relations binaires réflexives $(\mathcal{R}_i(\cdot))_{i=1,\dots,p}$ définies sur (Ω, \mathcal{A}, p) . Nous disposons ainsi de la famille $\Gamma_i(x, \cdot) \forall x \in E$ définie sur $(\mathcal{R}_i(\cdot))_{i=1,\dots,p}$ pour laquelle nous supposons qu'il s'agit d'une famille d'ensembles aléatoires.

Si on pose :

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(\omega, A) = \{x \in E / \exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$$

On peut écrire :

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(\omega, A) = \bigcup_{i=1}^p a_i(\omega, A)$$

où $a_i(\omega, A) = \{x \in E / \Gamma_i(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$.

Par conséquent :

Propriété 2.4.2 *Étant donné un espace probabilisé (Ω, \mathcal{A}, p) , l'application définie par :*

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(\omega, A) = \{x \in E / \exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$$

est un ensemble aléatoire.

Preuve Il suffit d'utiliser le résultat précédent et de remarquer que l'application $\forall A \subset E, a(\cdot, A)$ est une réunion d'ensembles aléatoires, donc un ensemble aléatoire.

CQFD.

De plus :

Propriété 2.4.3 *La fonction d'adhérence ainsi définie vérifie toutes les propriétés d'espace de type \mathcal{V} .*

Preuve En effet, les relations étant réflexives :

$$\forall \omega \in \Omega, a(\omega, \emptyset) = \{y \in E / \exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(y, \omega) \cap \emptyset \neq \emptyset\} = \emptyset$$

$$\forall \omega \in \Omega, \forall A \subset E, A \subset a(\omega, A).$$

Enfin, supposons que nous avons deux sous ensembles A et B de E tels que $A \subset B$. Alors :
 $\exists i = 1, \dots, p \Gamma_i(\omega, x) \cap A \neq \emptyset \implies \Gamma_i(\omega, x) \cap B \neq \emptyset$
 ce qui assure que $\forall \omega \in \Omega, \forall A \subset E, \forall B \subset E, (A \subset B \implies a(\omega, A) \subset a(\omega, B))$.

CQFD.

La fonction intérieur $i(\cdot, \cdot)$ est définie par dualité, c'est à dire que
 $\forall \omega \in \Omega, \forall A \subset E, i(\omega, A) = \{y \in E / \forall i = 1, \dots, p, \Gamma_i(\omega, y) \subset A\}$.

Nous pouvons à présent poser :

Définition 2.4.2 *Le triplet $(E, i(\cdot, \cdot), a(\cdot, \cdot))$ est tel que :*

$\forall \omega \in \Omega, (E, i(\omega, \cdot), a(\omega, \cdot))$ est un espace prétopologique de type \mathcal{V} .

$\forall A \subset E, a(\cdot, A)$ et $i(\cdot, A)$ sont des ensembles aléatoires.

Le couple $(i(\cdot, \cdot), a(\cdot, \cdot))$ est appelé prétopologie stochastique et le triplet $(E, i(\cdot, \cdot), a(\cdot, \cdot))$ est un espace prétopologique stochastique.

Remarque 2.4.1 – *Si la famille de relations binaires réflexives est réduite à une seule relation, on se trouve dans le cas d'un graphe aléatoire et la prétopologie stochastique associée en permet une analyse « topologique ».*

– Nous avons construit la fonction d'adhérence en utilisant la propriété :

$\exists i = 1, \dots, p, \Gamma_i(y, \omega) \cap A \neq \emptyset$. Nous aurions pu utiliser la propriété :

$\forall i = 1, \dots, p, \Gamma_i(y, \omega) \cap A \neq \emptyset$.

Les résultats annoncés ci-dessus resteraient vrais et cela donnerait une nouvelle manière d'associer à une famille de relations binaires une prétopologie stochastique. Notre choix a été guidé par l'application à l'analyse de la diffusion de pandémie. En effet, si les relations binaires traduisent des occasions de contact entre individus, il suffit d'un contact pour qu'une infection se propage, d'où le choix qui a été fait.

Exemple 2.4.2 En reprenant l'exemple précédent (figures 2.14, 2.15, 2.16 et 2.17), nous avons :

$E = \{1, 2, 3, 4, 5\}$

$\forall \omega \in \{\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4\}, a(\omega, A) = \{x \in E / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}$

Donc pour $A = \{1, 2\}$, nous pouvons calculer l'adhérence :

$a(\omega_1, A) = \{1, 2, 4, 5\}$

$a(\omega_2, A) = \{1, 2, 4\}$

$a(\omega_3, A) = \{1, 2, 5\}$

$a(\omega_4, A) = \{1, 2, 3, 4, 5\} = E$

Pour chacun des scénarios ω_1 à ω_4 , nous calculons $\Gamma(\omega, x)$:

Pour $\omega = \omega_1$:

$\Gamma(\omega, 1) = \{1\}$

$\Gamma(\omega, 2) = \{1, 2, 4, 5\}$

$\Gamma(\omega, 3) = \{3, 4, 5\}$

$\Gamma(\omega, 4) = \{4, 2\}$

$\Gamma(\omega, 5) = \{5, 1, 4\}$

Pour $\omega = \omega_2$:

$\Gamma(\omega, 1) = \{1\}$

$\Gamma(\omega, 2) = \{1, 2, 3, 4, 5\}$

$\Gamma(\omega, 3) = \{3, 5\}$

$\Gamma(\omega, 4) = \{4, 2, 3\}$

$\Gamma(\omega, 5) = \{5, 4\}$

Pour $\omega = \omega_3$:

$\Gamma(\omega, 1) = \{1, 4, 5\}$

$\Gamma(\omega, 2) = \{2, 4, 5\}$

$\Gamma(\omega, 3) = \{3\}$

$\Gamma(\omega, 4) = \{4\}$

$\Gamma(\omega, 5) = \{5, 1, 4\}$

Pour $\omega = \omega_4$:

$\Gamma(\omega, 1) = \{1, 3\}$

$$\begin{aligned}
\Gamma(\omega, 2) &= \{2, 4, 5\} \\
\Gamma(\omega, 3) &= \{3, 2\} \\
\Gamma(\omega, 4) &= \{4, 2\} \\
\Gamma(\omega, 5) &= \{5, 2, 3, 4\}
\end{aligned}$$

A partir de ces calculs, on peut en déduire l'intérieur :

$$\begin{aligned}
i(\omega_1, A) &= \{1\} \\
i(\omega_2, A) &= \{1\} \\
i(\omega_3, A) &= \emptyset \\
i(\omega_4, A) &= \emptyset
\end{aligned}$$

2.4.2 Analyse prétopologique d'un réseau complexe stochastique

Dans l'optique de pouvoir analyser topologiquement un réseau complexe, il est intéressant de considérer les notions usuelles d'ouvert et de fermé, telles qu'elles sont définies en prétopologie. Supposons qu'une partie A de E soit fermée pour la prétopologie stochastique définie précédemment sur le réseau.

Cela signifie donc, comme nous l'avons déjà vu, que :

$\forall x \in A^c, \forall y \in A, \forall i, i = 1, \dots, p, \neg(x\mathcal{R}_i(\omega)y)$ que ce soit pour un ω donné ou pour tout ω . On voit donc que si A est fermée, il est impossible de trouver un élément x de E , situé dans le complémentaire de A , qui admette au moins un élément y de A en tant que successeur pour toutes les relations $\mathcal{R}_i(\omega)$. En d'autres termes, si la famille de relations traduit le réseau de relations des éléments de E , x n'est pas inséré dans ce réseau. Dire que A est fermée revient donc à dire qu'elle est constituée d'éléments de E qui ne font pas de relations sociales avec des éléments hors de A . On peut aussi dire que A est constitué d'éléments de E qui ne reçoivent pas d'influence, via le réseau, de l'extérieur de A si $x\mathcal{R}_i(\omega)y$ traduit une influence, via la même relation, de y sur x dans le scénario ω .

Supposons à présent que A est ouverte. Cela signifie que :

$$\forall x, x \in A \implies \forall i, i = 1, \dots, p, \Gamma_i(\omega, x) \subset A.$$

On ne peut donc pas trouver d'éléments x dans A qui, pour toutes les relations $\mathcal{R}_i(\omega)$ admettent un successeur hors de A . On peut dire d'une autre manière que A est constitué d'éléments de E qui ne subissent pas d'influence, via le réseau, provenant des éléments extérieurs de A .

Il est donc extrêmement intéressant de pouvoir caractériser, non seulement ces deux cas particuliers, mais également toutes les situations intermédiaires. Pour cela, nous utilisons deux paramètres : le rapport d'intérieur et le rapport d'adhérence.

Définition 2.4.3 *Étant donné un espace prétopologique stochastique $(E, i(\cdot, \cdot), a(\cdot, \cdot))$, on appelle rapport d'adhérence, noté R_a le ratio suivant :*

$$\forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), R_a(\omega, A) = \frac{\|a(\omega, A)\|}{\|A\|}$$

De même, on appelle rapport d'intérieur, noté R_i , le ratio suivant :

$$\forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), R_i(\omega, A) = \frac{\|i(\omega, A)\|}{\|A\|}$$

De façon immédiate, nous pouvons affirmer :

Propriété 2.4.4 I. $\forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), R_a(\omega, A) \geq 0$ et $R_a(\omega, A) \leq \frac{\|E\|}{\|A\|}$

$$2. \forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), A \text{ fermé} \Leftrightarrow R_a(\omega, A) = 1$$

$$3. \forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), 0 \leq R_i(\omega, A) \leq 1$$

$$4. \forall \omega \in \Omega, \forall A \in \mathcal{P}(E), A \text{ ouvert} \Leftrightarrow R_i(\omega, A) = 1$$

Considérons donc les deux applications suivantes :

$$\forall A \subset E, \omega \mapsto R_a(\omega, A) \text{ et } \forall A \subset E, \omega \mapsto R_i(\omega, A).$$

Alors :

Propriété 2.4.5 Les deux applications $\forall A \subset E, \omega \mapsto R_a(\omega, A)$ et $\forall A \subset E, \omega \mapsto R_i(\omega, A)$ sont deux variables aléatoires définies sur (Ω, \mathcal{A}, p) .

Preuve Puisque $\omega \mapsto a(\omega, A)$ et $\omega \mapsto i(\omega, A)$ sont deux ensembles aléatoires, les fonctions indicatrices $\omega \mapsto 1(x)_{a(\omega, A)}$ et $\omega \mapsto 1(x)_{i(\omega, A)}$ sont des variables aléatoires $\forall x, x \in E$. Or

$$\|a(\omega, A)\| = \sum_{x \in E} 1(x)_{a(\omega, A)}$$

et

$$\|i(\omega, A)\| = \sum_{x \in E} 1(x)_{i(\omega, A)}$$

Donc $\omega \mapsto \|a(\omega, A)\|$ et $\omega \mapsto \|i(\omega, A)\|$ sont des variables aléatoires comme sommes finies de variables aléatoires. Ce qui démontre la proposition.

CQFD.

Pour une partie A donnée, il est donc intéressant de déterminer les propriétés probabilistes des deux variables aléatoires $R_a(\cdot, A)$ et $R_i(\cdot, A)$. En particulier, on peut s'intéresser à leur espérance mathématique, leur variance, et de manière plus générale, à leur loi de probabilité. Leur analyse statistique, à partir de données de terrain, apporte beaucoup d'informations sur la structure du réseau.

En effet, le diagramme ci-dessous illustre les situations possibles que l'on peut rencontrer en ce qui concerne $R_a(\cdot, A)$ et $R_i(\cdot, A)$.

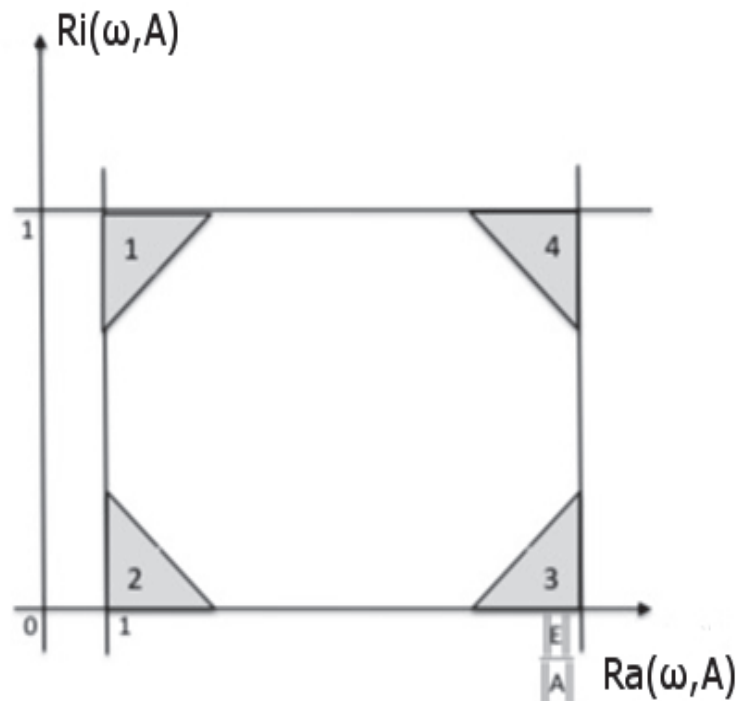


FIGURE 2.18 – Espace des rapports d'intérieur et d'adhérence.

Les quatre zones en coin de ce diagramme sont intéressantes :

1. $R_i(\omega, A)$ est proche de 1, $R_a(\omega, A)$ est proche de 1. A est une partie qui subit peu d'influence de son complémentaire et qui en exerce peu également. Cela caractérise un sous-ensemble du réseau « isolé ».
2. $R_i(\omega, A)$ est proche de 0, $R_a(\omega, A)$ est proche de 1. A est une partie qui subit peu d'influence de son complémentaire, mais qui, en revanche, exerce beaucoup. A exerce donc beaucoup d'influence, mais en subit peu.
3. $R_i(\omega, A)$ est proche de 0, $R_a(\omega, A)$ est proche de son maximum. A est une partie qui est une bonne exportatrice d'influence en même temps qu'elle subit beaucoup d'influence de son complémentaire.
4. $R_i(\omega, A)$ est proche de 1, $R_a(\omega, A)$ est proche de son maximum. Il s'agit du cas où A exerce peu d'influence et en subit beaucoup à l'inverse.

Exemple 2.4.3 Nous pouvons repartir de l'exemple 2.4.1 illustrant les quatre scénarios de la relation \mathcal{R} . Nous considérons l'ensemble A tel que : $A = \{1, 2\}$.

Dans l'exemple 2.4.2, nous nous sommes consacré au calcul de l'adhérence et de l'intérieur pour ce même ensemble A . On peut donc en déduire les rapports d'adhérence suivants :

$$R_a(\omega_1, A) = \frac{4}{2} = 2$$

$$R_a(\omega_2, A) = \frac{3}{2}$$

$$R_a(\omega_3, A) = \frac{3}{2}$$

$$R_a(\omega_4, A) = \frac{5}{2}$$

ainsi que les rapports d'intérieur suivants :

$$R_i(\omega_1, A) = \frac{1}{2}$$

$$R_i(\omega_2, A) = \frac{1}{2}$$

$$R_i(\omega_3, A) = 0$$

$$R_i(\omega_4, A) = 0$$

Par la suite, nous obtenons la représentation graphique suivante :

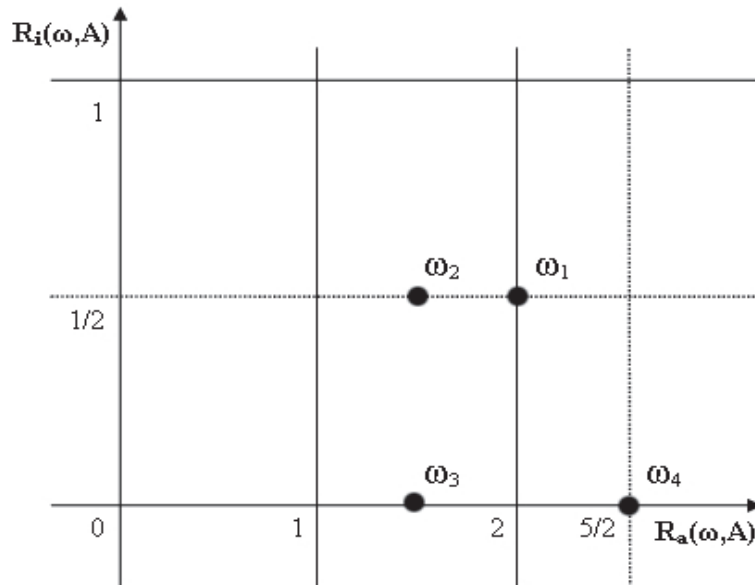


FIGURE 2.19 – Espace des rapports d'adhérence et d'intérieur pour la relation \mathcal{R} .

Il en ressort que pour le scénario ω_4 , l'ensemble A exerce beaucoup d'influence et en su-

bit beaucoup provenant des autres éléments de E . Dans le cas d'une analyse pandémique, on pourrait s'interroger sur l'impact du confinement d'un ensemble d'individus ?

Nous avons démontré que la prétopologie stochastique définie conduit à un espace de type \mathcal{V} . Or, on sait que dans tout espace de type \mathcal{V} [31], la fermeture $F(\cdot)$ et l'ouverture $O(\cdot)$ d'une partie de E existent toujours. De plus, nous sommes dans le cas où E est un ensemble de cardinal fini.

Par conséquent :

$$\exists k_0 \in \mathbb{N} / F(A) = a^{k_0}(A)$$

et

$$\exists k_1 \in \mathbb{N} / O(A) = i^{k_1}(A)$$

La recherche de la fermeture d'une partie A de E se fait donc, sur le plan calculatoire, par l'application répétée de la fonction d'adhérence, éventuellement jusqu'à obtenir E , (cas où $F(A)=E$). Il en va de même pour l'ouverture de A obtenue en répétant l'application intérieur.

Dans le cas de la prétopologie stochastique, nous sommes amenés à considérer les fonctions multivoques suivantes :

$$\omega \longmapsto R_i(\omega, A) \text{ et } \omega \longmapsto R_a(\omega, A)$$

Propriété 2.4.6 *Dans le cas d'un espace prétopologique stochastique $(E, i(\cdot, \cdot), a(\cdot, \cdot))$ les deux fonctions $\omega \longmapsto F(\omega, A)$ et $\omega \longmapsto O(\omega, A)$ sont des variables aléatoires, $\forall A \in \mathcal{P}(E)$.*

Preuve Puisque E est de cardinal fini

$$\exists k / F(\omega, A) = a^k(\omega, A) = \overbrace{(a \circ a \circ \dots \circ a)}^k(\omega, A)$$

et comme $(\omega, A) \longmapsto a(\omega, A)$ est mesurable, il est évident que $\omega \longmapsto F(\omega, A)$ est mesurable.

De la même manière, $\omega \longmapsto O(\omega, A)$ est également mesurable $\forall A \in \mathcal{P}(E)$.
Ce qui prouve le résultat.

CQFD.

L'utilisation des autres fonctions de la prétopologie s'avère également très utile pour l'analyse d'un réseau complexe modélisé par une structure prétopologique stochastique. Dans le cas de l'espace prétopologique stochastique proposé, elles se réécrivent :

1. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, d(\omega, A) = \{x \in E / \exists i = 1, \dots, p, (\Gamma_i(\omega, x) - \{x\}) \cap A \neq \emptyset\}$
2. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, b(\omega, A) = A - i(\omega, A)$

3. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, o(\omega, A) = a(\omega, A) - A$
4. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, fr(\omega, A) = o(\omega, A) \cup b(\omega, A)$
5. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, c(\omega, A) = A \cap d(\omega, A)$
6. $\forall A \subset E, \forall \omega \in \Omega, e(\omega, A) = (a(\omega, A))^c$

Posons :

$\forall \omega \in \Omega, \forall A \subset E, ds(\omega, A) = \text{card}(A - c(\omega, A))$. Cela nous conduit à la propriété suivante.

Propriété 2.4.7 *L'application $\omega \mapsto ds(\omega, A)$ est une variable aléatoire $\forall A \subset E$.*

Preuve Bien évidemment : $\omega \mapsto d(\omega, A)$ est un ensemble aléatoire puisque $\omega \mapsto \Gamma_i(\omega, \cdot)$ est mesurable pour tout i . Il s'en suit que $\omega \mapsto \Gamma(\omega, \cdot)$ est également mesurable. Dans ce cas, $\omega \mapsto c(\omega, A)$ est également un ensemble aléatoire ($c(\omega, A) = A \cap d(\omega, A), \forall \omega$).

Si on considère ds :

$$(\Omega, \mathcal{A}, p) \times \mathcal{P}(E) \mapsto \mathbb{N}$$

$$(\omega, A) \mapsto \| A - c(\omega, A) \| = ds(\omega, A)$$

CQFD.

De façon évidente $ds(\omega, A) = 0 \Leftrightarrow c(\omega, A) \subset A$. Par définition de la fonction cohérence, ceci est équivalent à $A \subset d(\omega, A)$. En d'autres termes, il n'existe pas de points isolés dans A , c'est à dire de points x tels que $\forall i = 1, \dots, p, (\Gamma_i(\omega, x) - \{x\}) \cap A = \emptyset$.

Inversement, $ds(\omega, A) = \| A \| \Leftrightarrow c(\omega, A) = \emptyset$, ce qui caractérise une situation où A n'est constitué que de points isolés.

L'exemple suivant illustre ces deux situations possibles, dans le cas d'une seule relation binaire.

Exemple 2.4.4 *Nous reprenons l'exemple 2.4.1 et nous considérons l'ensemble A tel que $A = \{1, 5\}$.*

D'après le calcul de $\Gamma(\omega, A)$ à l'exemple 2.4.2, il ressort que le dérivé $d(\omega, A)$ est tel que :

$$\begin{aligned} d(\omega_1, A) &= \{2, 3, 5\} \\ d(\omega_2, A) &= \{2, 3\} \\ d(\omega_3, A) &= \{1, 2, 5\} \\ d(\omega_4, A) &= \{2\} \end{aligned}$$

A partir de cela, nous pouvons déduire la cohérence $c(\omega, A)$:

$$\begin{aligned} c(\omega_1, A) &= \{5\} \\ c(\omega_2, A) &= \emptyset \\ c(\omega_3, A) &= \{1, 5\} \end{aligned}$$

$$c(\omega_4, A) = \emptyset$$

L'application $ds(\omega, A)$ vaut :

$$ds(\omega_1, A) = 1$$

$$ds(\omega_2, A) = 2$$

$$ds(\omega_3, A) = 0$$

$$ds(\omega_4, A) = 2$$

En somme, nous pouvons affirmer que l'ensemble $A = \{1, 5\}$ ne dispose pas de points isolés pour le scénario ω_3 alors que pour les scénarios ω_2 et ω_4 , l'ensemble A ne contient que des points isolés.

Dans le cas des graphes aléatoires, on mesure la densité autour d'un sommet via le coefficient de regroupement C , rappelé ci-dessous.

Définition 2.4.4 Pour tout sommet u d'un graphe, le coefficient de regroupement $C(u)$ de ce sommet est défini par

$$C(u) = 2 \frac{nl(u)}{d(u)(d(u) - 1)}$$

où $nl(u)$ est le nombre de liens entre les voisins de u et $d(u)$ le degré de u .

Ce coefficient exprime la manière dont les voisins du sommet étudié sont reliés par le graphe. Il s'interprète comme une probabilité. Par définition, il ne s'applique qu'à des graphes non orientés. Si on veut généraliser ce coefficient à une famille de relations réflexives et aléatoires, on est confronté à un double problème :

- les relations sont à priori orientées, situation dans laquelle le coefficient précédent n'est pas applicable,
- on dispose de plus d'une relation.

La prétopologie permet d'envisager une démarche différente.

Considérons un sous-ensemble A de E et $a(\omega, A) - A$. Ce sous ensemble constitue l'ensemble des « voisins » de A , au sens utilisé dans la théorie des graphes aléatoires. Pour la prétopologie, il s'agit de l'orle de A .

Remarque 2.4.2 On constate ici l'ambiguïté du mot « voisin » qui peut conduire à des contre sens. Il s'agit en fait des points « adhérents ». Notons également que « voisin » est un concept non défini en topologie.

Considérons donc $\forall \omega, a(\omega, A) - A = o(\omega, A)$ et calculons $R_i(o(\omega, A))$. Si le résultat obtenu est proche de 1, cela signifie que $o(\omega, A)$ diffuse peu à son complémentaire.

Par conséquent, s'il y a diffusion des points de $o(\omega, A)$, elle se fait en interne et on a une bonne densité relationnelle de $o(\omega, A)$. Cependant, nous ne sommes pas renseignés pour autant sur le degré de diffusion de ses points.

Calculons donc : $ds(c(o(\omega, A)))$.

Si ce coefficient prend une valeur proche de 0, on a donc peu de points isolés dans $o(\omega, A)$.

Par conséquent, si simultanément $ds(c(o(\omega, A)))$ est proche de 0 et, $R_i(o(\omega, A))$ est proche de 1, alors nous sommes face à une situation où la diffusion de $o(\omega, A)$ est importante et se fait en interne puisqu'il n'y a pas ou peu de points isolés. Cela traduit une forte densité relationnelle entre « voisins » de A (pour conserver cette terminologie). Le couple $(ds(.), R_i)$ permet donc de caractériser la densité relationnelle.

Concernant les graphes non orientés, deux autres paramètres sont utilisés pour les caractériser : ce sont le degré de corrélation d'un sommet et la fonction d'assortativité.

Le degré de corrélation d'un sommet i est défini par :

$$k_{nn,i} = \frac{1}{kl_i} \sum_{j \in V(i)} k_j$$

où k_i désigne le degré du sommet i et $V(i)$ désigne l'ensemble des voisins du sommet i , c'est à dire l'ensemble des j tels que $\{(i, j)\}$ est une arête du graphe.

la fonction d'assortativité est définie par :

$$k_{nn}(k) = \frac{1}{N_k} \sum_{i/k_i=k} k_{nn,i}$$

où N_k désigne le nombre de sommets du graphe de degré k .

La prétopologie stochastique nous permet de généraliser ces deux paramètres dans le cas d'une famille de relations binaires aléatoires réflexives. Pour cela, nous posons :

Définition 2.4.5 on appelle coefficient de corrélation d'un sommet x , le coefficient défini par

$$dc(\omega, x) = \frac{1}{\text{card}(a(\omega, \{x\}))} \sum_{y \in a(\omega, x)} \text{card}(a(\omega, y))$$

La fonction d'assortativité peut alors s'écrire :

Définition 2.4.6

$$ca(\omega, k) = \frac{1}{N_k} \sum_{x/\text{card}(a(\omega, x))=k} dc(\omega, x)$$

où N_k désigne le nombre de points x de E tels que $\text{card}(a(\omega, x)) = k$

L'exemple ci-dessous illustre le calcul de ces coefficients.

Exemple 2.4.5 On considère un réseau formé de quatre relations définies sur un ensemble $E = \{1, 2, 3, 4\}$ illustrées par les figures 2.20, 2.21, 2.22 et 2.23. Pour simplifier la présentation, nous omettons l'aspect aléatoire, ce qui ne change rien au calcul.

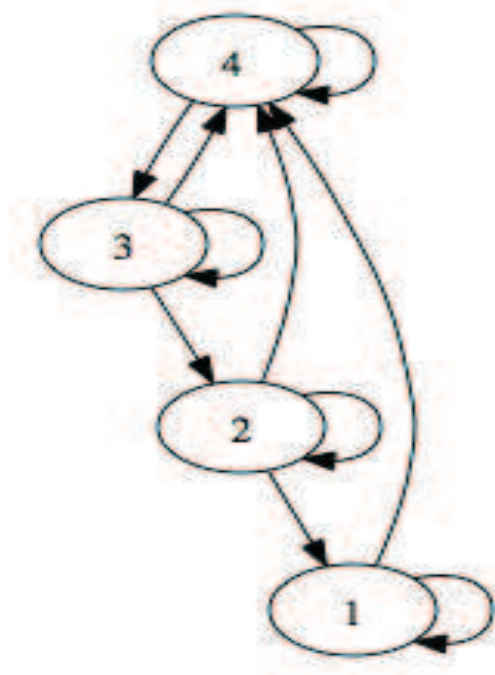
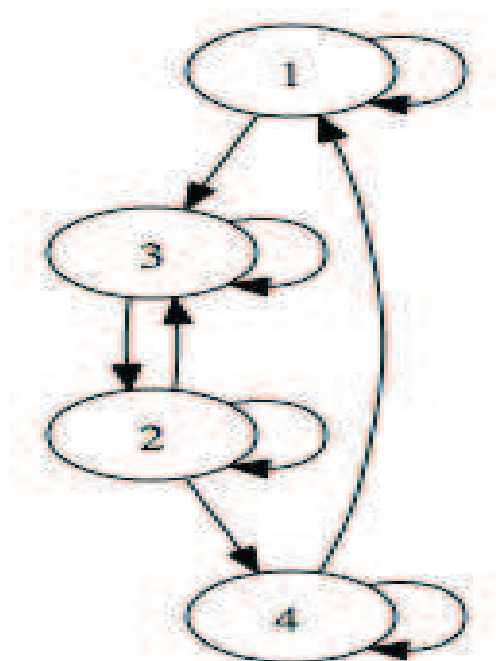
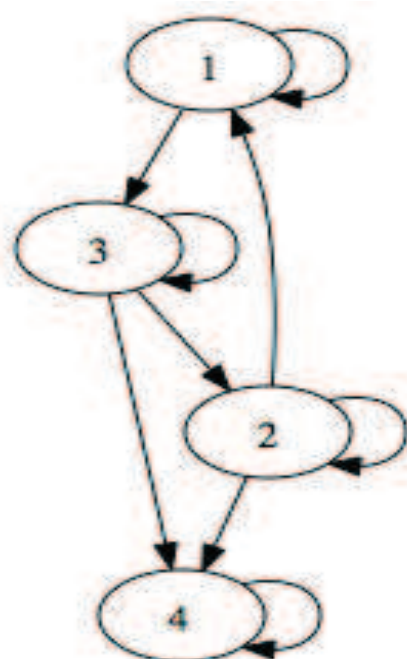
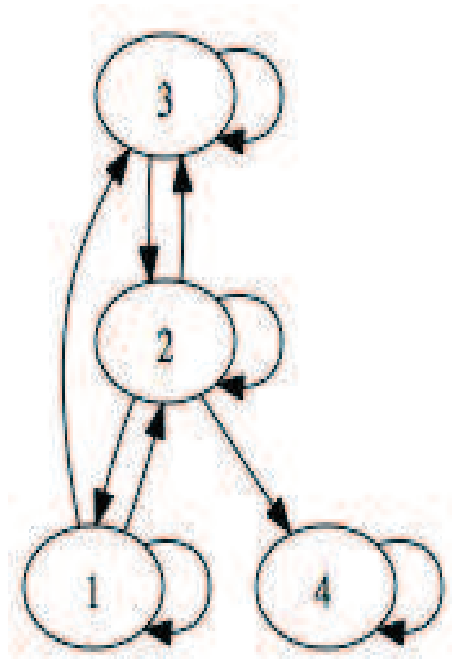


FIGURE 2.20 – relation \mathcal{R}_1

FIGURE 2.21 – relation \mathcal{R}_2 FIGURE 2.22 – relation \mathcal{R}_3

FIGURE 2.23 – relation \mathcal{R}_4

De ces quatre relations, on en déduit que :

- $a(\{1\}) = \{1, 2, 4\}$
- $a(\{2\}) = \{1, 2, 3\}$
- $a(\{3\}) = \{1, 2, 3, 4\}$
- $a(\{4\}) = \{1, 2, 3, 4\}$

Ce qui donne, compte tenu de la définition du coefficient $dc(\cdot)$

- $dc(1) = \frac{10}{3}$
- $dc(2) = \frac{10}{3}$
- $dc(3) = \frac{7}{2}$
- $dc(4) = \frac{7}{2}$

d'où la fonction d'assortativité :

$$ca(3) = \frac{1}{3} \times \left(\frac{10}{3} + \frac{10}{3} \right) = \frac{20}{9}$$

$$ca(4) = \frac{1}{4} \times \left(\frac{7}{2} + \frac{7}{2} \right) = \frac{7}{4}$$

2.4.3 Compléments : connexité

Étant donné un espace prétopologique stochastique $(E, i(., .), a(., .))$ définie sur (Ω, a, p) construite à partir d'une famille de relations binaires $\{\mathcal{R}_i(\omega)\}_{\omega \in (\Omega, a, p)}$ définie sur E avec $\|E\| = n$.

On peut définir les concepts suivants :

Définition 2.4.7 $x \in E, y \in E$, on dit qu'il existe un arc de x à y si et seulement si $\{y\} \subset a(\omega, \{x\})$.

De la même manière, on dit qu'il existe un arc de $A, A \subset E$, vers $B, B \subset E$ si et seulement si : $B \subset a(\omega, A)$.

L'exemple 2.4.6 illustre la construction de graphes que l'on peut en déduire.

Exemple 2.4.6 Considérons les trois scénarii suivants :

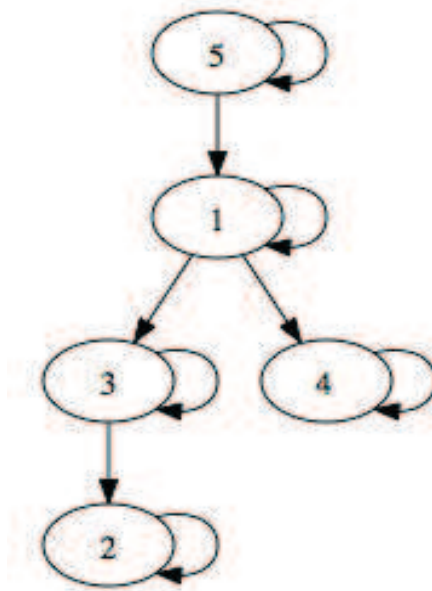
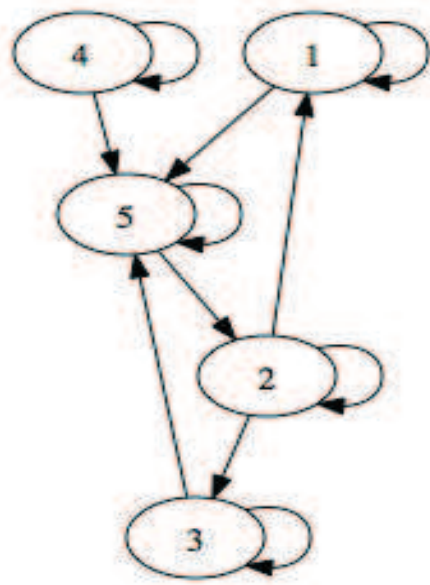
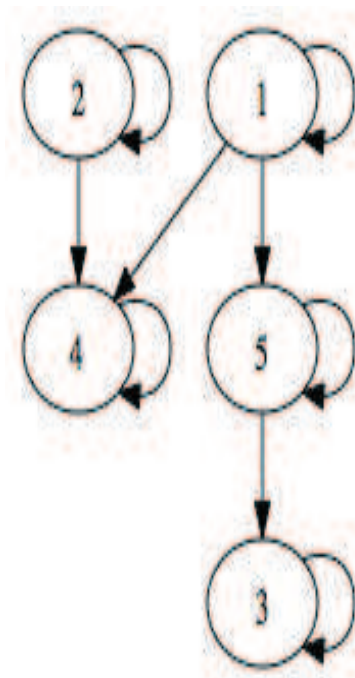


FIGURE 2.24 – Relation $\mathcal{R}(\omega_1)$.

FIGURE 2.25 – Relation $\mathcal{R}(\omega_2)$.FIGURE 2.26 – Relation $\mathcal{R}(\omega_3)$.

Nous pouvons en déduire $\Gamma(\omega, A)$:

Pour $\omega = \omega_1$, on a :

$$\Gamma(\omega, 1) = \{1, 3, 4\}$$

$$\Gamma(\omega, 2) = \{2\}$$

$$\Gamma(\omega, 3) = \{2, 3\}$$

$$\Gamma(\omega, 4) = \{4\}$$

$$\Gamma(\omega, 5) = \{1, 5\}$$

Pour $\omega = \omega_2$, on a :

$$\Gamma(\omega, 1) = \{1, 5\}$$

$$\Gamma(\omega, 2) = \{1, 2, 3\}$$

$$\Gamma(\omega, 3) = \{3, 5\}$$

$$\Gamma(\omega, 4) = \{4, 5\}$$

$$\Gamma(\omega, 5) = \{2, 5\}$$

Pour $\omega = \omega_3$, on a :

$$\Gamma(\omega, 1) = \{1, 4, 5\}$$

$$\Gamma(\omega, 2) = \{2, 4\}$$

$$\Gamma(\omega, 3) = \{3\}$$

$$\Gamma(\omega, 4) = \{4\}$$

$$\Gamma(\omega, 5) = \{3, 5\}$$

On peut donc en déduire l'adhérence :

Pour la prétopologie faible, nous savons que :

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(A) = \{x \in E / \exists i, \Gamma_i(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}.$$

Dans notre cas, nous avons seulement une relation donc, cela donne :

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall \omega \in \Omega, a(A) = \{x \in E / \Gamma(\omega, x) \cap A \neq \emptyset\}.$$

Pour $\omega = \omega_1$, on a :

$$a(\omega, \{1\}) = \{1, 5\}$$

$$a(\omega, \{2\}) = \{2, 3\}$$

$$a(\omega, \{3\}) = \{1, 3\}$$

$$a(\omega, \{4\}) = \{1, 4\}$$

$$a(\omega, \{5\}) = \{5\}$$

Pour $\omega = \omega_2$, on a :

$$a(\omega, \{1\}) = \{1, 2\}$$

$$a(\omega, \{2\}) = \{2, 5\}$$

$$a(\omega, \{3\}) = \{2, 3\}$$

$$a(\omega, \{4\}) = \{4\}$$

$$a(\omega, \{5\}) = \{1, 3, 4, 5\}$$

Pour $\omega = \omega_3$, on a :

$$a(\omega, \{1\}) = \{1\}$$

$$a(\omega, \{2\}) = \{2\}$$

$$a(\omega, \{3\}) = \{3, 5\}$$

$$a(\omega, \{4\}) = \{1, 2, 4\}$$

$$a(\omega, \{5\}) = \{1, 5\}$$

D'où l'obtention des graphes suivants 2.27, 2.28, 2.29 :

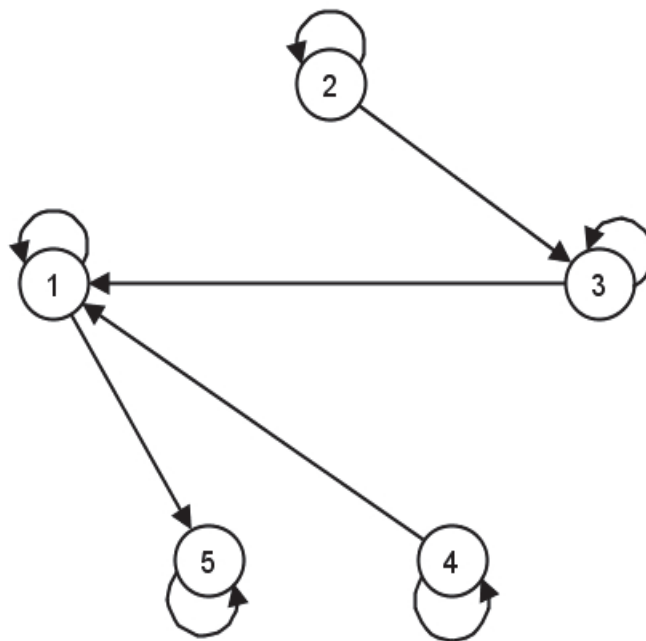


FIGURE 2.27 – Graphe pour $\omega = \omega_1$.

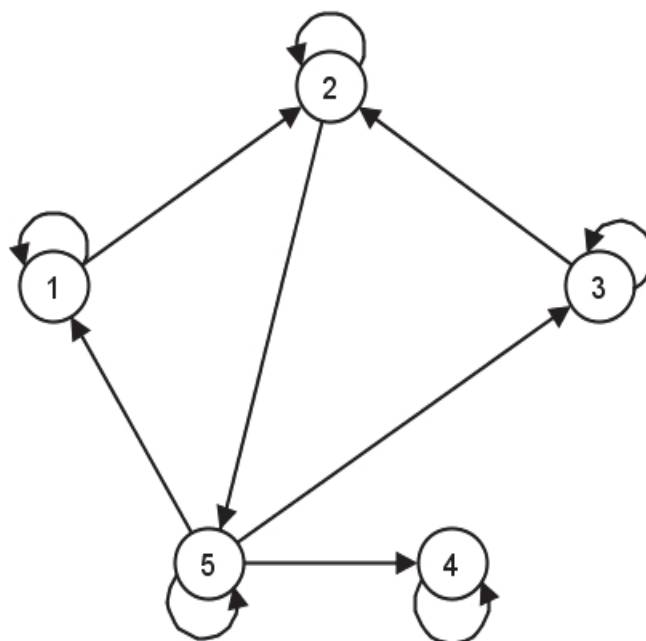
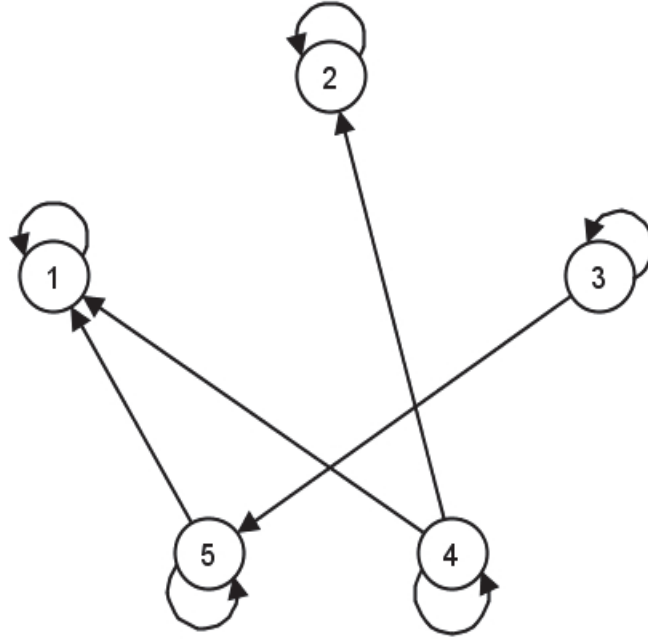


FIGURE 2.28 – Graphe pour $\omega = \omega_2$.

FIGURE 2.29 – Graphe pour $\omega = \omega_3$.

Remarque 2.4.3 La définition précédente montre, qu'en sens inverse de ce que nous avons fait jusqu'à présent, nous sommes capables de construire un graphe à partir d'une structure prétopologique.

Il faut noter que la construction d'un graphe, comme faite précédemment, nous permet d'obtenir tout un parcours intéressant puisque partant d'une famille de graphes aléatoires, nous construisons une prétopologie stochastique à partir de laquelle nous pouvons construire, de multiples manières, un graphe aléatoire.

Définition 2.4.8 $x \in E, y \in E$, on dit qu'il existe un chemin de x à y si et seulement si $\{y\} \subset F(\omega, \{x\})$ où $F(\omega, \{x\})$ désigne la fermeture de $\{x\}$ pour la prétopologie définie par $a(\omega, \cdot)$.

De manière évidente, E étant de cardinal fini, $\forall x \in E, \forall \omega \in \Omega, \exists k \in \mathbb{N}$ tel que $F(\omega, \{x\}) = a^k(\omega, \{x\})$.

Définition 2.4.9 $x \in E, y \in E$, on appelle longueur du chemin de x à y , noté $l(x \rightarrow y)$, le plus petit entier k tel que $F(\omega, \{x\}) = a^k(\omega, \{x\})$.

Exemple 2.4.7 Nous pouvons repartir de l'exemple 2.4.6 pour déterminer s'il existe un chemin de x vers y .

Pour $\omega = \omega_1$, nous avons :

x	$a(\omega, .)$	$a^2(\omega, .)$	$a^3(\omega, .)$	$a^4(\omega, .)$
1	{1, 5}	{1, 5}	{1, 5}	{1, 5}
2	{2, 3}	{1, 2, 3}	{1, 2, 3, 5}	{1, 2, 3, 5}
3	{1, 3}	{1, 3, 5}	{1, 3, 5}	{1, 3, 5}
4	{1, 4}	{1, 4, 5}	{1, 4, 5}	{1, 4, 5}
5	{5}	{5}	{5}	{5}

TABLE 2.1 – Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_1$

Donc, on obtient :

$$\begin{aligned}
 F(\omega_1, \{1\}) &= \{1, 5\} = a(\omega_1, \{1\}) \\
 F(\omega_1, \{2\}) &= \{1, 2, 3, 5\} = a^3(\omega_1, \{2\}) \\
 F(\omega_1, \{3\}) &= \{1, 3, 5\} = a^2(\omega_1, \{3\}) \\
 F(\omega_1, \{4\}) &= \{1, 4, 5\} = a^2(\omega_1, \{4\}) \\
 F(\omega_1, \{5\}) &= \{5\} = a(\omega_1, \{5\})
 \end{aligned}$$

En considérant le sommet 1, nous pouvons déduire que :

$5 \in F(\omega_1, \{1\}) = a(\omega_1, \{1\})$ donc il existe un chemin de longueur 1 de 1 à 5.

En considérant le sommet 2, nous pouvons déduire que :

$1 \in F(\omega_1, \{2\}) = a^3(\omega_1, \{2\})$ donc il existe un chemin de longueur 3 de 2 à 1.
 $3 \in F(\omega_1, \{2\}) = a^3(\omega_1, \{2\})$ donc il existe un chemin de longueur 3 de 2 à 3.
 $5 \in F(\omega_1, \{2\}) = a^3(\omega_1, \{2\})$ donc il existe un chemin de longueur 3 de 2 à 5.

En considérant le sommet 3, nous pouvons déduire que :

$1 \in F(\omega_1, \{3\}) = a^2(\omega_1, \{3\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 3 à 1.
 $5 \in F(\omega_1, \{3\}) = a^2(\omega_1, \{3\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 3 à 5.

En considérant le sommet 4, nous pouvons déduire que :

$1 \in F(\omega_1, \{4\}) = a^2(\omega_1, \{4\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 4 à 1.
 $5 \in F(\omega_1, \{4\}) = a^2(\omega_1, \{4\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 4 à 5.

En considérant le sommet 5, nous pouvons déduire que :

Il n'existe pas de chemin de 5 à un autre sommet de E.

Pour $\omega = \omega_2$, nous avons :

x	$a(\omega, .)$	$a^2(\omega, .)$	$a^3(\omega, .)$	$a^4(\omega, .)$
1	{1, 2}	{1, 2, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}
2	{2, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}
3	{2, 3}	{2, 3, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}
4	{4}	{4}	{4}	{4}
5	{1, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}	{1, 2, 3, 4, 5}

TABLE 2.2 – Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_2$

Donc, on obtient :

$$\begin{aligned}
F(\omega_2, \{1\}) &= \{1, 2, 3, 4, 5\} = a^3(\omega_2, \{1\}) \\
F(\omega_2, \{2\}) &= \{1, 2, 3, 4, 5\} = a^2(\omega_2, \{2\}) \\
F(\omega_2, \{3\}) &= \{1, 2, 3, 4, 5\} = a^3(\omega_2, \{3\}) \\
F(\omega_2, \{4\}) &= \{4\} = a(\omega_2, \{4\}) \\
F(\omega_2, \{5\}) &= \{1, 2, 3, 4, 5\} = a^2(\omega_2, \{5\})
\end{aligned}$$

En considérant le sommet 1, nous pouvons déduire que :

$$\begin{aligned}
2 \in F(\omega_2, \{1\}) &= a^3(\omega_2, \{1\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 1 à 2.} \\
3 \in F(\omega_2, \{1\}) &= a^3(\omega_2, \{1\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 1 à 3.} \\
4 \in F(\omega_2, \{1\}) &= a^3(\omega_2, \{1\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 1 à 4.} \\
5 \in F(\omega_2, \{1\}) &= a^3(\omega_2, \{1\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 1 à 5.}
\end{aligned}$$

En considérant le sommet 2, nous pouvons déduire que :

$$\begin{aligned}
1 \in F(\omega_2, \{2\}) &= a^2(\omega_2, \{2\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 2 à 1.} \\
3 \in F(\omega_2, \{2\}) &= a^2(\omega_2, \{2\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 2 à 3.} \\
4 \in F(\omega_2, \{2\}) &= a^2(\omega_2, \{2\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 2 à 4.} \\
5 \in F(\omega_2, \{2\}) &= a^2(\omega_2, \{2\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 2 à 5.}
\end{aligned}$$

En considérant le sommet 3, nous pouvons déduire que :

$$\begin{aligned}
1 \in F(\omega_2, \{3\}) &= a^3(\omega_2, \{3\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 3 à 1.} \\
2 \in F(\omega_2, \{3\}) &= a^3(\omega_2, \{3\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 3 à 2.} \\
4 \in F(\omega_2, \{3\}) &= a^3(\omega_2, \{3\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 3 à 4.} \\
5 \in F(\omega_2, \{3\}) &= a^3(\omega_2, \{3\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 3 de 3 à 5.}
\end{aligned}$$

En considérant le sommet 4, nous pouvons déduire que :

Il n'existe pas de chemin de 4 à un autre sommet de E.

En considérant le sommet 5, nous pouvons déduire que :

$$\begin{aligned}
1 \in F(\omega_2, \{5\}) &= a^2(\omega_2, \{5\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 5 à 1.} \\
2 \in F(\omega_2, \{5\}) &= a^2(\omega_2, \{5\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 5 à 2.} \\
3 \in F(\omega_2, \{5\}) &= a^2(\omega_2, \{5\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 5 à 3.} \\
4 \in F(\omega_2, \{5\}) &= a^2(\omega_2, \{5\}) \text{ donc il existe un chemin de longueur 2 de 5 à 4.}
\end{aligned}$$

Pour $\omega = \omega_3$, nous avons :

x	$a(\omega, .)$	$a^2(\omega, .)$	$a^3(\omega, .)$	$a^4(\omega, .)$
1	{1}	{1}	{1}	{1}
2	{2}	{2}	{2}	{2}
3	{3, 5}	{1, 3, 5}	{1, 3, 5}	{1, 3, 5}
4	{1, 2, 4}	{1, 2, 4}	{1, 2, 4}	{1, 2, 4}
5	{1, 5}	{1, 5}	{1, 5}	{1, 5}

TABLE 2.3 – Calcul de $a^n(\omega, .)$ pour $\omega = \omega_3$

Donc, on obtient :

$$\begin{aligned}
F(\omega_3, \{1\}) &= \{1\} = a(\omega_3, \{1\}) \\
F(\omega_3, \{2\}) &= \{2\} = a(\omega_3, \{2\}) \\
F(\omega_3, \{3\}) &= \{1, 3, 5\} = a^2(\omega_3, \{3\}) \\
F(\omega_3, \{4\}) &= \{1, 2, 4\} = a(\omega_3, \{4\}) \\
F(\omega_3, \{5\}) &= \{1, 5\} = a(\omega_3, \{5\})
\end{aligned}$$

En considérant le sommet 1, nous pouvons déduire que :
 Il n'existe pas de chemin de 1 à un autre sommet de E .

En considérant le sommet 2, nous pouvons déduire que :
 Il n'existe pas de chemin de 2 à un autre sommet de E .

En considérant le sommet 3, nous pouvons déduire que :
 $1 \in F(\omega_3, \{3\}) = a^2(\omega_3, \{3\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 3 à 1.
 $5 \in F(\omega_3, \{3\}) = a^2(\omega_3, \{3\})$ donc il existe un chemin de longueur 2 de 3 à 5.

En considérant le sommet 4, nous pouvons déduire que :
 $1 \in F(\omega_3, \{4\}) = a(\omega_3, \{4\})$ donc il existe un chemin de longueur 1 de 4 à 1.
 $2 \in F(\omega_3, \{4\}) = a(\omega_3, \{4\})$ donc il existe un chemin de longueur 1 de 4 à 2.

En considérant le sommet 5, nous pouvons déduire que :
 $1 \in F(\omega_3, \{5\}) = a(\omega_3, \{5\})$ donc il existe un chemin de longueur 1 de 5 à 1.

Il est alors possible de calculer un coefficient qui généralise le coefficient des graphes aléatoires « Betweenness centrality » de la manière suivante :

Étant donnés x et y de E , soit k la longueur du chemin de x vers y .

Pour tout autre élément z , on détermine si z appartient au chemin de x vers y ou non. On pose alors :

Définition 2.4.10

$$C_b(z) = \sum_{(x,y), x \neq y, x \neq z, y \neq z} \frac{l_z(x \rightarrow y)}{l(x \rightarrow y)}$$

où : $l_z(x \rightarrow y)$ désigne la longueur des chemins de x vers y qui contiennent z et, $l(x \rightarrow y)$ la longueur des chemins de x vers y contenant z ou non.

Pour calculer $C_b(z)$ on doit déterminer pour tous les couples (x,y) de E^2 , les longueurs des chemins de x vers y . Puis, on isole ceux des chemins qui contiennent le point z donné.

Généralisation du coefficient « centrality degree » :

Définition 2.4.11 $\forall x \in E$, on pose :

$$C_d(\omega, x) = \frac{\| a(\omega, x) \|}{\| E \|} = \frac{\| a(\omega, x) \|}{n}$$

Soit x^* , l'élément de E tel que $C_d(\omega, x^*) = \text{Max}_{x \in E} C_d(\omega, x)$.

On pose :

$$C_d(\omega, E) = \frac{\sum_{x \in E} [C_d(\omega, x^*) - C_d(\omega, x)]}{(n-1)(n-2)}$$

Exemple 2.4.8 En reprenant les données de l'exemple 2.4.6, nous pouvons calculer $C_d(\omega, x)$:

Pour $\omega = \omega_1$, nous avons :

$$C_d(\omega_1, 1) = C_d(\omega_1, 2) = C_d(\omega_1, 3) = C_d(\omega_1, 4) = \frac{2}{5}$$

$$C_d(\omega_1, 5) = \frac{1}{5}$$

donc $x^* = 1$ ou 2 ou 3 ou 4 .

On peut donc en déduire $C_d(E)$:

$$C_d(E) = \frac{\frac{1}{5}}{4 * 3} = \frac{1}{60}$$

Pour $\omega = \omega_2$, nous avons :

$$C_d(\omega_2, 1) = C_d(\omega_2, 2) = C_d(\omega_2, 3) = \frac{2}{5}$$

$$C_d(\omega_2, 4) = \frac{1}{5}$$

$$C_d(\omega_2, 5) = \frac{4}{5}$$

donc $x^* = 5$.

Donc :

$$C_d(E) = \frac{\frac{9}{5}}{4 * 3} = \frac{9}{60} = \frac{3}{20}$$

Pour $\omega = \omega_3$, nous avons :

$$C_d(\omega_3, 1) = C_d(\omega_3, 2) = \frac{1}{5}$$

$$C_d(\omega_3, 3) = C_d(\omega_3, 5) = \frac{2}{5}$$

$$C_d(\omega_3, 5) = \frac{3}{5}$$

donc $x^* = 4$.

Donc :

$$C_d(E) = \frac{\frac{6}{5}}{4 * 3} = \frac{1}{30}$$

Quelques notions de connexité :

Étant donné une prétopologie stochastique sur un ensemble $E : (E, i(.,.), a(.,.))$ associée à une famille de relations binaires $\{\mathcal{R}_i(\omega)\}_{\omega \in \Omega}$, on pose :

Définition 2.4.12 1. E est fortement connexe si et seulement si :

$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall B \in \mathcal{P}(E)$, il existe un chemin de A vers B .

2. E est unilatéralement connexe si et seulement si :

$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall B \in \mathcal{P}(E)$, il existe un chemin de A vers B ou un chemin de B vers A .

3. E est hyperconnexe si et seulement si :

$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall B \in \mathcal{P}(E)$, il existe un chemin de A vers B ou un chemin de B vers $(F(\omega, B))^c$.

4. E est apoconnexe si et seulement si :

$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall B \in \mathcal{P}(E), \exists M \in \mathcal{P}(E)$ avec un chemin de M vers A et un chemin de M vers B .

5. E est connexe si et seulement si :

$\forall A \in \mathcal{P}(E), \forall B \in \mathcal{P}(E)$, il existe un chemin de A vers B ou bien $\exists M \in \mathcal{P}(E)$ tel qu'il existe un chemin de M vers B et un chemin de M vers $(F(\omega, B))^c$.

Cette définition conduit au résultat suivant : (se référer à [31].)

Propriété 2.4.8 1. E fortement connexe $\iff \forall A \in \mathcal{P}(E), F(\omega, A) = E$

2. E unilatéralement connexe \iff

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), F(\omega, A) = E \text{ ou } \forall B \in \mathcal{P}(E), B \subset (F(\omega, A))^c, A \subset F(\omega, B)$$

3. E hyperconnexe \iff

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), F(\omega, A) = E \text{ ou } \exists B \in \mathcal{P}(E), B \subset (F(\omega, A))^c, A \subset F(\omega, B)$$

4. E apoconnexe \iff

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), F(\omega, A) = E \text{ ou } \forall B \in \mathcal{P}(E), B \subset (F(\omega, A))^c, F(\omega, A) \cap F(\omega, B) \neq \emptyset$$

5. E connexe \iff

$$\forall A \in \mathcal{P}(E), F(\omega, A) = E \text{ ou } F[(F(\omega, A))^c] \cap F(\omega, A) \neq \emptyset$$

A tout $x \in E$, on associe V_x le sous-ensemble de E tel que :

1. $\exists y \in V_x$, tel que il existe un chemin de x vers y .
2. V_x est un sous-ensemble fortement connexe de E . Autrement dit, avec la famille des relations $\{\mathcal{R}_i(\omega)\}_{\omega \in \Omega}$ restreinte à V_x , V_x est fortement connexe pour la prétopologie stochastique associée à la famille $\{\mathcal{R}_i(\omega)\}_{\omega \in \Omega}$ restreinte à V_x .

Alors :

Définition 2.4.13 $\forall x \in E, C_d(x) = \frac{\sum_{y \in V_x} d(x, y)}{\|V_x\| - 1}$ où $d(x, y) = l(x \rightarrow y)$.

Cette définition généralise le coefficient « closeness centrality » des graphes aléatoires.

2.4.4 Analyse statistique des réseaux complexes

Les problèmes de la construction d'une notion d'espérance mathématique

La question est de construire un concept d'espérance mathématique qui fasse sens lorsque E n'est pas muni d'une structure mathématique riche comme c'est le cas dans les réseaux sociaux.

Pour faire comprendre la démarche que nous adoptons, appuyons nous sur l'exemple suivant :

Exemple 2.4.9 Considérons $E = \{x_1, x_2, \dots, x_{16}\}$, $A = \{x_6, x_7\}$ et $\Omega = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3\}$.

De plus, $p(\omega_1) = p_1$, $p(\omega_2) = p_2$, $p(\omega_3) = p_3$.

Les figures 2.20, 2.21 et 2.22 visualisent l'adhérence de A selon les trois scénarii $\omega_1, \omega_2, \omega_3$.

Les diagrammes 2.30, 2.31 et 2.32 illustrent les situations $a(\omega_1, A)$, $a(\omega_2, A)$ et $a(\omega_3, A)$.

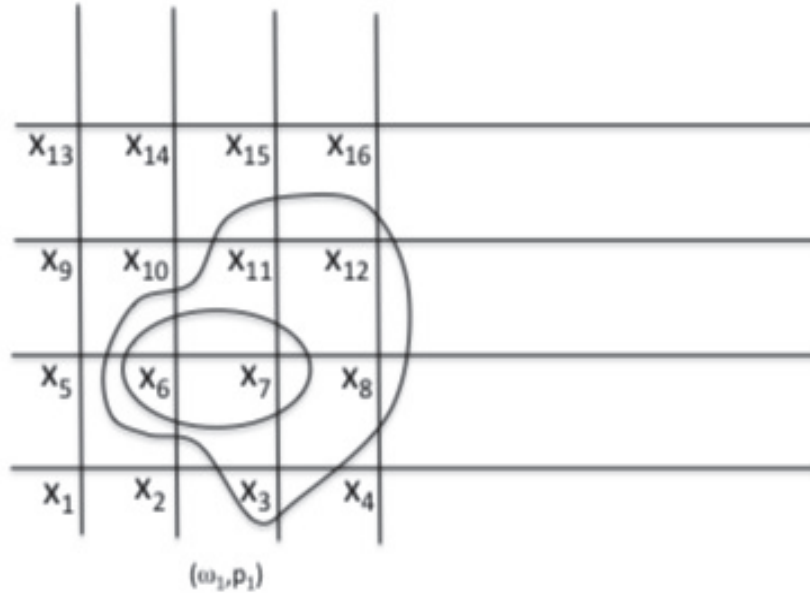


FIGURE 2.30 – Adhérence - scénario 1.

$$a(\omega_1, A) = \{x_3, x_6, x_7, x_8, x_{11}, x_{12}\}$$

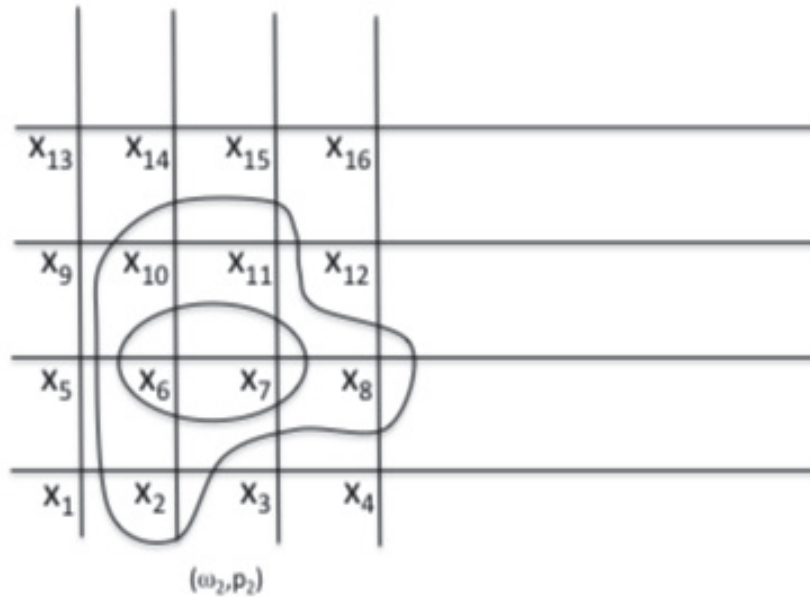


FIGURE 2.31 – Adhérence - scénario 2.

$$a(\omega_2, A) = \{x_2, x_6, x_7, x_8, x_{10}, x_{11}\}$$

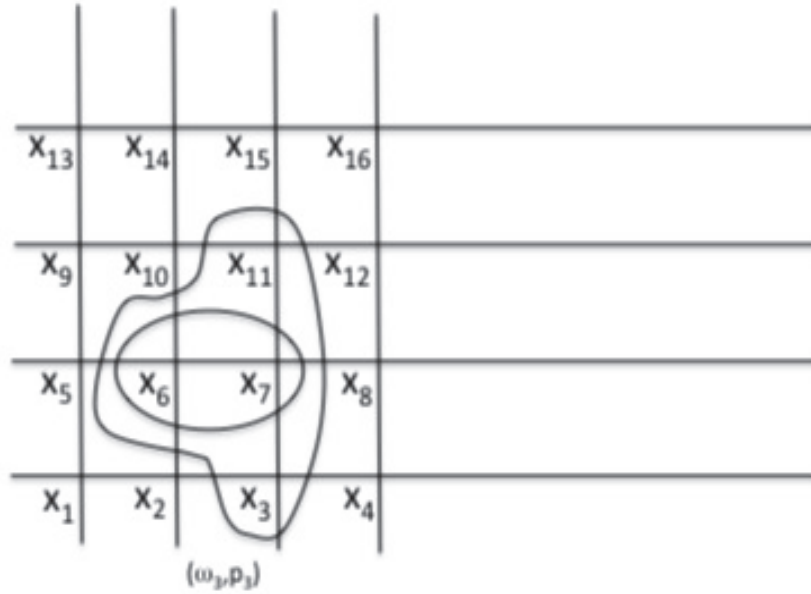


FIGURE 2.32 – Adhérence - scénario 3.

$$a(\omega_3, A) = \{x_3, x_6, x_7, x_{11}\}$$

Considérons $\forall \omega \in \Omega, \forall A \subset E$, la fonction caractéristique $1_{a(\omega, A)}(\cdot)$ définie sur E . Dans notre exemple, avec $A = \{6, 7\}$, nous obtenons :

- $1_{a(\omega_1, A)}(x_i) = 1$ pour $i = 3, 6, 7, 8, 11, 12$;
0 sinon
- $1_{a(\omega_2, A)}(x_i) = 1$ pour $i = 2, 6, 7, 8, 10, 11$;
0 sinon
- $1_{a(\omega_3, A)}(x_i) = 1$ pour $i = 3, 6, 7, 11$;
0 sinon

Par ailleurs, nous avons posé que $p_1 = Pr(\omega_1)$, $p_2 = Pr(\omega_2)$, $p_3 = Pr(\omega_3)$.

Nous proposons de définir l'espérance mathématique de la fonction adhérence $E(a(\cdot, A))$ par sa fonction caractéristique définie sur E par :

- $1_{E(a(\cdot, A))}(x_i) = 0$ pour $i = 1, 4, 5, 9, 13, 14, 15, 16$
- $1_{E(a(\cdot, A))}(x_i) = p_1$ pour $i = 12$

- $1_{E(a(.,A))}(x_i) = p_2$ pour $i = 2, 10$
- $1_{E(a(.,A))}(x_i) = p_1 + p_2$ pour $i = 8$
- $1_{E(a(.,A))}(x_i) = p_1 + p_3$ pour $i = 3$
- $1_{E(a(.,A))}(x_i) = p_1 + p_2 + p_3 = 1$ pour $i = 6, 7, 11$

Ce procédé nous amène donc à définir $E(a(., A))$ par une fonction caractéristique à valeurs dans l'intervalle $[0, 1]$ et non dans $\{0, 1\}$. Cela signifie que $E(a(., A))$ est défini comme un sous ensemble flou de E .

La justification de cette approche est fondée sur le constat qu'il est difficile de donner un sens à une espérance mathématique qui serait un sous ensemble ordinaire de E , alors que la définition proposée s'interprète naturellement.

Nous allons formaliser cette approche en restant dans la situation où l'ensemble Ω est de cardinal fini.

Définition 2.4.14 *Étant donné un espace prétopologique stochastique $(E, i(., .), a(., .))$ défini sur un espace probabilisé fini (Ω, \mathcal{A}, p) , on appelle espérance mathématique de la fonction adhérence, le sous ensemble flou défini par la fonction d'appartenance suivante :*

$$\forall A \subset E, 1_{E(a(.,A))}(x) = \sum_{\omega_i / x \in a(\omega_i, A)} p_i$$

où $p_i = Pr(\omega_i)$

Remarque 2.4.4 *Nous procédons de la même manière pour définir l'espérance de la fonction intérieur :*

$$\forall A \subset E, 1_{E(i(.,A))}(x) = \sum_{\omega_i / x \in i(\omega_i, A)} p_i$$

La question que nous soulevons avec cette définition de l'espérance mathématique est de donner un sens « prétopologique » au triplet $(E, E(i(., .)), E(a(., .)))$. En effet qu'en est-il du point de vue de la prétopologie sachant que les espérances ne sont pas des sous ensembles ordinaires de E , mais des sous ensembles flous ?

Une réponse à cette question peut être trouvée dans les travaux de M. Egéa [90] qui a posé les bases conceptuelles de la prétopologie floue.

Nous allons démontrer que le triplet construit précédemment est un espace prétopologique flou de type \mathcal{V} .

Propriété 2.4.9 *Le triplet $(E, E(i(.,.)), E(a(.,.)))$ est un espace prétopologique flou de type \mathcal{V} . On l'appelle l'espace moyen.*

Preuve Considérons :

$$\forall x \in E, 1_{E(a(.,\emptyset))}(x) = \sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i,\emptyset)} p_i = \sum_{\omega_i/x \in \emptyset} p_i = 0$$

Donc

$$E(a(.,\emptyset)) = \emptyset$$

.

Supposons que $x \in A$, alors :

\implies

$$\forall \omega_i, x \in a(\omega_i, A)$$

\implies

$$\{\omega_i/x \in a(\omega_i, A)\} = \Omega$$

\implies

$$\sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i, A)} p_i = \sum_{\omega_i \in \Omega} p_i = 1$$

Donc $A \subset E(a(., A))$ au sens de l'inclusion des sous ensembles flous.

Considérons

$$1_{E(i(.,E))}(x) = \sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i, E)} p_i$$

$$\forall \omega_i, x \in i(\omega_i, E) \implies \{\omega_i \in \Omega/x \in i(\omega_i, E)\} = \Omega$$

Donc

$$\forall x \in E, 1_{E(i(.,E))}(x) = 1 \implies E(i(., E)) = E$$

.

Supposons $x \notin A$, alors :

\implies

$$\forall \omega_i, x \notin i(\omega_i, A)$$

\Rightarrow

$$1_{E(i(.,A))}(x) = 0 = 1_A(x)$$

Si $x \in A$, on a toujours $1_{E(i(.,A))}(x) \leq 1 = 1_A(x)$

\Rightarrow

$$\forall x \in E, 1_{E(i(.,A))}(x) \leq 1_A(x)$$

Ce qui prouve que $\forall A \subset E, E(i(., A)) \subset A$ au sens des sous ensembles flous.
Cela prouve que $(E, E(i(., .)), E(a(., .)))$ est un espace prétopologique flou.

Montrons qu'il est de type \mathcal{V} :
Considérons $A \subset B$

\Rightarrow

$$\forall \omega_i, a(\omega_i, A) \subset a(\omega_i, B)$$

(les espaces sont de type \mathcal{V})

\Rightarrow

$$\{\omega_i/x \in i(\omega_i, A)\} \subset \{\omega_i/x \in i(\omega_i, B)\}$$

\Rightarrow

$$\sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i, A)} p_i \leq \sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i, B)} p_i$$

\Rightarrow

$$1_{E(a(.,A))} \leq 1_{E(a(.,B))}$$

\Rightarrow

$$E(a(., A)) \subset E(a(., B))$$

Ce qui prouve le résultat.

CQFD.

Remarque 2.4.5 Soient

$$\begin{aligned}
 1 - 1_{E(a(., A^c))}(x) &= 1 - \sum_{\omega_i/x \in a(\omega_i, A^c)} p_i \\
 1 - 1_{E(a(., A^c))}(x) &= \sum_{\omega_i \in \Omega} p_i - \sum_{\omega_i/x \in a(\omega_i, A^c)} p_i \\
 1 - 1_{E(a(., A^c))}(x) &= \sum_{\omega_i/x \notin a(\omega_i, A^c)} p_i = \sum_{\omega_i/x \in i(\omega_i, A^c)} p_i = 1_{E(i(., A))}(x)
 \end{aligned}$$

Ce qui montre que les deux espérances sont en dualité au sens des sous ensembles flous.

Le problème de la statistique des ensembles aléatoires

Dans la section précédente, nous avons défini un concept d'espérance mathématique dans le cadre de la prétopologie stochastique telle que nous la définissons dans ce travail. Il nous faut maintenant définir des notions de dispersion de manière analogue à ce qui se fait avec des variables aléatoires.

Pour cela, nous nous plaçons dans la logique de définition des sous ensembles flous qui est fondée sur la fonction caractéristique, appelée fonction d'appartenance dans le cas de ces sous ensembles.

Considérons $\forall A \subset E, 1_{E(a(., A))}$ et $\forall \omega_i \in \Omega, 1_{a(\omega_i, A)}$
Posons

$$m_k(a(., A)) = \sum_{\omega_i \in \Omega} p_i \sum_{x \in E} (1_{a(\omega_i, A)}(x) - 1_{E(a(., A))}(x))^k$$

pour $k \in \mathbb{N}, k > 1$.

Définition 2.4.15 $\forall A \subset E$, la quantité $m_k(a(., A))$ définie précédemment est appelée moment centré d'ordre k de $a(., A)$.

La quantité, notée $e_k(a(., A))$ définie par $e_k(a(., A)) = m_k(a(., A))^{\frac{1}{k}}$ est appelée écart centré d'ordre k de $a(., A)$.

Remarque 2.4.6 Lorsque $k = 2$, nous retrouvons la notion classique de variance et d'écart type et on notera $\text{var}(a(., A))$. On peut alors affirmer :

Propriété 2.4.10 $\forall A \subset E, \text{var}(a(., A)) = 0 \Leftrightarrow \forall \omega_i \in \Omega, a(\omega_i, A) = \text{cte} = E(a(., A))$

Preuve $var(a(., A)) = 0$

\Leftrightarrow

$$\forall \omega_i \in \Omega, \sum_{x \in E} (1_{a(\omega_i, A)}(x) - 1_{E(a(., A))}(x))^2 = 0$$

\Leftrightarrow

$$\forall \omega_i \in \Omega, \forall x \in E, 1_{a(\omega_i, A)}(x) = 1_{E(a(., A))}(x)$$

\Leftrightarrow

ce qui prouve le résultat.

On note alors que $E(a(., A))$ est un sous ensemble ordinaire de E .

CQFD.

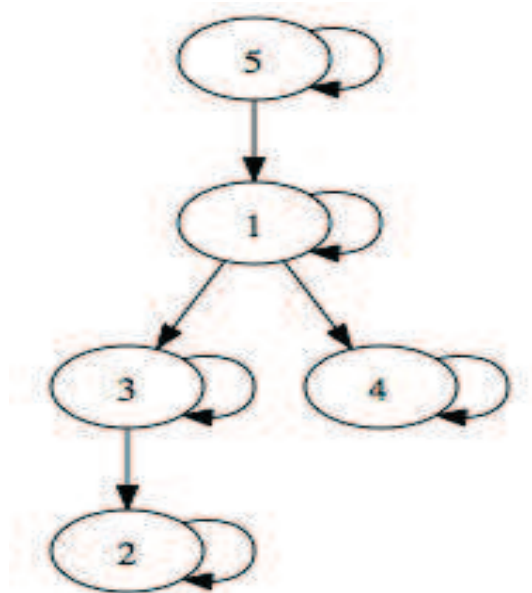
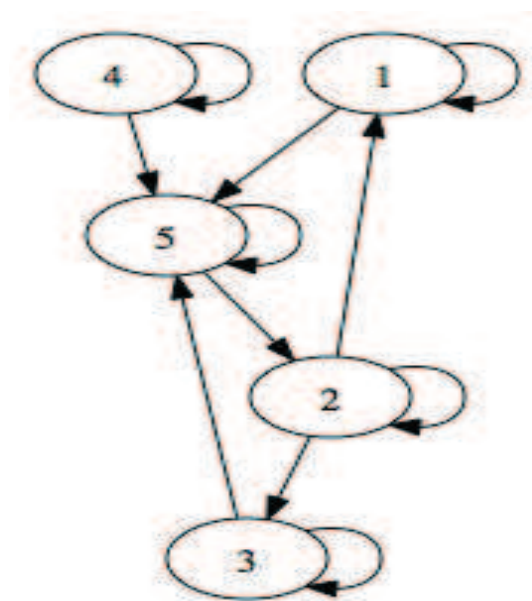
L'exemple ci-dessous illustre le calcul de l'espérance et de la variance d'une adhérence d'un espace prétopologique stochastique.

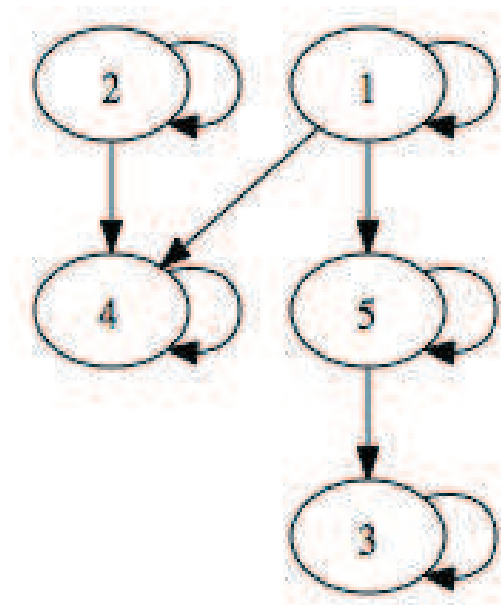
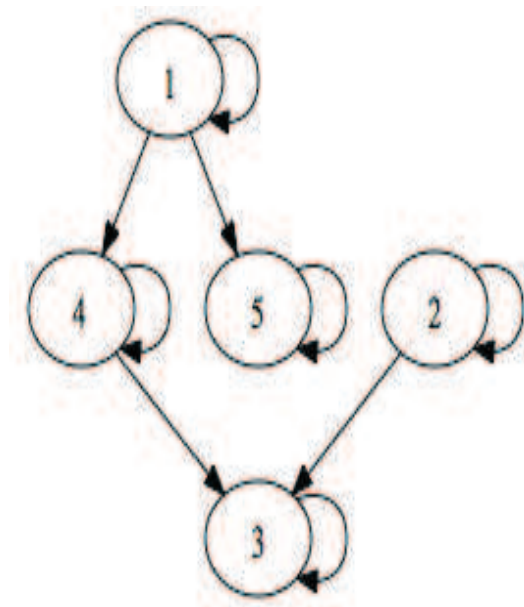
Exemple 2.4.10 Soit $E = \{1, 2, 3, 4, 5\}$ et (Ω, \mathcal{A}, p) un espace probabilisé tel que :
 $\Omega = \{\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4\}$ et

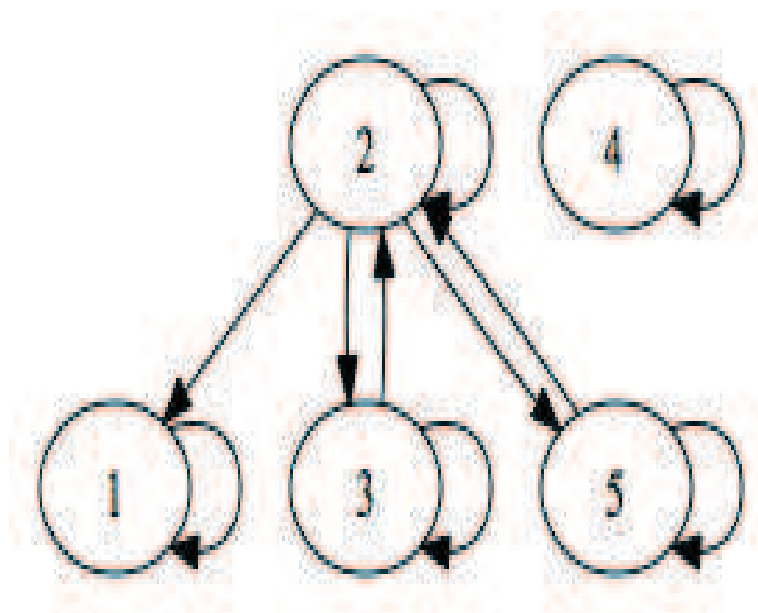
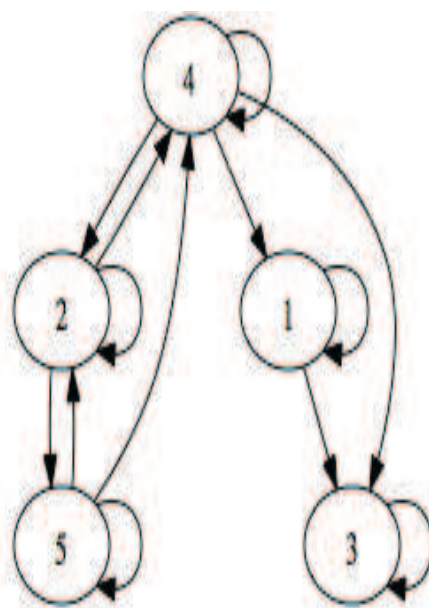
$$p_1 = \frac{1}{16}, p_2 = \frac{1}{2}, p_3 = \frac{1}{8} \text{ et } p_4 = \frac{5}{16}.$$

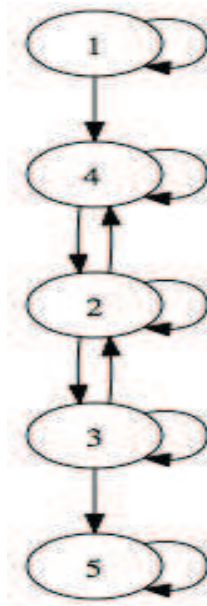
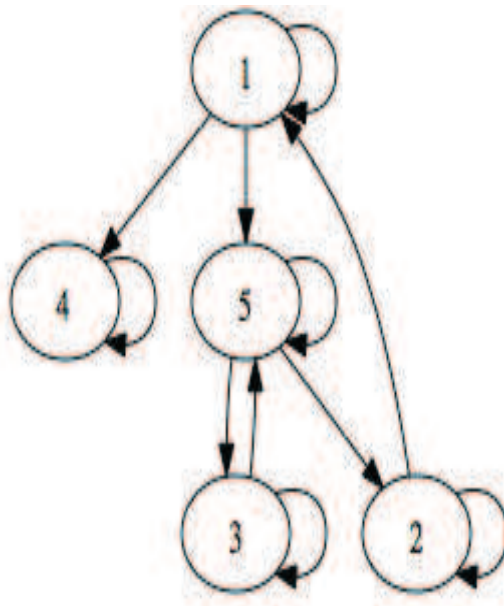
Considérons le cas où deux relations aléatoires $\mathcal{R}_1(.)$ et $\mathcal{R}_2(.)$ sont définies sur E . Les réalisations de ces relations pour $\omega_i \in \Omega$ sont illustrées par les diagrammes suivants.

Considérons $A = \{2, 4\}$ et calculons $a(\omega_i, A) \forall \omega_i \in \Omega, E(a(., A))$ et $var(E(a(., A)))$.

FIGURE 2.33 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_1)$.FIGURE 2.34 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_2)$.

FIGURE 2.35 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_3)$.FIGURE 2.36 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_1(\omega_4)$.

FIGURE 2.37 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_1)$.FIGURE 2.38 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_2)$.

FIGURE 2.39 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_3)$.FIGURE 2.40 – Adhérence de A pour la relation $\mathcal{R}_2(\omega_4)$.

Nous obtenons :

- $a(\omega_1, A) = \{1, 2, 3, 4, 5\}$
- $a(\omega_2, A) = \{2, 4, 5\}$
- $a(\omega_3, A) = \{1, 2, 3, 4\}$
- $a(\omega_4, A) = \{1, 2, 4, 5\}$

d'où :

x	$1_{a(\omega_1,A)}$	$1_{a(\omega_2,A)}$	$1_{a(\omega_3,A)}$	$1_{a(\omega_4,A)}$
1	1	0	1	1
2	1	1	1	1
3	1	0	1	0
4	1	1	1	1
5	1	1	0	1

TABLE 2.4 – Calcul de $1_{a(\omega_i,A)}$, $i = 1, \dots, 4$

D'après le tableau précédent, on peut lire que $1_{a(\omega_2,A)}(1) = 0$ pour $x = 1$.

Ce qui amène à $E(a(., A))$ défini par la fonction d'appartenance :

- $1_{E(a(., A))}(1) = p_1 + p_3 + p_4 = \frac{1}{2}$
- $1_{E(a(., A))}(2) = p_1 + p_2 + p_3 + p_4 = 1$
- $1_{E(a(., A))}(3) = p_1 + p_3 = \frac{3}{16}$
- $1_{E(a(., A))}(4) = p_1 + p_2 + p_3 + p_4 = 1$
- $1_{E(a(., A))}(5) = p_1 + p_2 + p_4 = \frac{7}{8}$

Or, on sait que $\text{var}(a(., A)) = \sum_{\omega_i \in \Omega} p_i \sum_{x \in E} (1_{a(\omega_i,A)}(x) - 1_{E(a(., A))}(x))^2$.

On peut donc déduire que : $\text{var}(a(., A)) = 0,5117$.

2.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un nouveau modèle mathématique couplant la théorie des graphes et les ensembles aléatoires appelé prétopologie stochastique. Cette dernière permet de généraliser les graphes aléatoires, notamment en considérant d'une part des familles de relations entre les individus et non pas une relation. D'autre part, l'intégration des ensembles aléatoires nous permet de prendre en compte les facteurs incontrôlables (rencontres entre des amants...) dans le modèle.

Dans le prochain chapitre, nous allons procéder à l'intégration de la prétopologie stochastique dans un outil de simulation.

Chapitre 3

MODELE DE SIMULATION

Ce troisième chapitre est consacré à la mise en œuvre du modèle mathématique précédent à travers un système multi-agents. L'objectif est de montrer comment ce modèle permet de construire un outil d'aide à la décision en cas d'épidémie ou de pandémie. Il s'agit donc davantage de proposer au décideur un outil capable de lui mettre en évidence les conséquences, en matière socioéconomique, de décisions qu'il pourrait prendre plutôt que d'un outil de suivi de l'épidémie ou de la pandémie. A travers le modèle de simulation développé dans ce chapitre, nous visons en effet à fournir au décideur un moyen de tester les mesures adéquates de manière à préserver les fonctions vitales de la société en cas de crise sanitaire, en plaçant l'individu et la société au cœur de la réflexion.

En cela, le modèle proposé est une première ébauche qui devra être complétée et enrichie, compte tenu de la complexité du problème. Nous nous focaliserons, dans ce premier modèle de gestion de crise, sur les aspects relationnels entre les individus dans la logique du modèle de la prétopologie stochastique. Après une description du modèle, une première implémentation via Repast sera proposée et quelques premiers résultats de simulation commentés.

3.1 Présentation du modèle

Nous avons constaté que dans le cas de la gestion d'une épidémie, les autorités disposent de plusieurs outils de simulation qui ne reflètent chacun qu'une vision globale de son évolution. Ses modèles sont assez pauvres en ce qui concerne la prise en compte des réalités de la société et des individus qui la composent. En effet la quasi-totalité des modèles existants ne distinguent pas les individus en fonction de leur rôle au sein du système « société ». Or ce dernier est capital à prendre en compte dans le phénomène de propagation de l'épidémie, mais aussi dans le fonctionnement de la société : la contamination d'un individu « ordinaire » et celle d'un médecin n'ont pas le même impact. Selon le cas, c'est un élément de la lutte contre l'épidémie qui est mis hors course, aggravant ainsi le phénomène. De la même manière, si un décideur de haut rang est atteint, toute la société peut en être affecté, l'exemple de la contamination du président du Costa Rica lors de l'épidémie de H1N1 l'a illustré. Pour des pays en voie de développement, ce problème de la mise « hors service » de décideurs, difficilement remplaçable se révèle d'ailleurs crucial et est au centre des préoccupations des gouvernements concernés. Toute cellule de crise qui se veut efficace doit donc disposer d'une information ciblée et ne peut se contenter de statistiques générales sur le nombre de malades. Il lui faut savoir sur quelles forces elle peut encore compter pour contenir la crise, gérer la pénurie et mettre la société en « mode survie » au bon moment et pour la bonne durée.

L'individu inséré dans son réseau social est ainsi un pilier central du modèle. Comme nous l'avons souligné, les individus sont reliés par diverses relations de tous ordres (professionnelles, amicales, loisirs...). Ce constat est à la base du modèle mathématique de la prétopologie stochastique qui permet, comme démontré dans le chapitre précédent, de prendre simultanément en compte ces diverses relations et d'en déduire la structure « topologique » du réseau social ainsi modélisé.

Le modèle de simulation proposé est basé sur une approche multi-agents dans laquelle on distinguera les différents types d'agents en fonction de leur rôle, trois principaux dans notre cas : l'individu (ordinaire), le décideur, le personnel médical (médecins, infirmiers, etc.). Le modèle intègre également l'aspect spatial en étant fondé aussi sur une approche géographique par intégration d'un SIG. Nous aurons ainsi, dans cette première version, la vision au jour le jour et spatialisée, de l'état de santé des individus des trois différentes catégories. Par la suite, le modèle intégrera des données épidémiologiques provenant de l'institut Groupes Régionaux d'Observation de la Grippe (GROG) et des données socio-démographiques réelles issues de l'Institut National de la Statistique et des Études Économiques (INSEE). Enfin, dans ce travail, nous nous focalisons sur la modélisation d'une épidémie de grippe quelque soit son type c'est-à-dire saisonnière, aviaire...

3.1.1 Objectifs

A travers l'étude bibliographique portant sur le thème de « gestion de crise », nous avons pu constater que les décideurs ne disposent pas d'éléments voire de modèles pertinents leur permettant de mener à bien la gestion d'une situation de crise. Les mesures existantes pour

limiter la propagation sont nombreuses : lavages des mains, vaccination massive de la population, fermetures des établissements scolaires. ... Pour efficace que ce soit, cela relève plus d'un catalogue à la Prévert qu'au résultat d'une politique fondée sur une réflexion poussée relative à la gestion de la crise. De plus, de manière évidente, ces mesures s'adressent aux citoyens, pas au décideur.

Le but de notre modèle est donc bien de proposer aux décideurs un outil de contrôle de la propagation d'une épidémie, centré sur les habitudes et les structures sociales permettant de préserver les fonctions vitales de la société.

Dans le monde de l'informatique, on utilise de préférence le terme « agent » aux termes « individu » ou « objet ». Ainsi, un individu sera modélisé par un agent cognitif qui se traduit par une entité logicielle ou physique, autonome, évoluant dans un environnement, qu'elle peut percevoir et sur lequel elle peut agir [99]. Un agent est donc défini comme étant un objet dit « intelligent ».

3.1.2 Description du modèle

En toute généralité, le système multi-agents défini est plongé dans un environnement topologique et situé composé de N zones géographiques (des départements par exemple), pour lesquelles nous disposons des données journalières sur les flux au sein d'une zone ou d'une zone à l'autre (par exemple à partir d'études de l'Institut National des Statistiques et des Études Économiques (INSEE)), relatives aux déplacements quotidiens des agents.

En accord avec ce qui a été dit précédemment, nous distinguons trois types d'agents :

- Les individus « ordinaires » : dans le chapitre 1, nous avons démontré l'intérêt de conserver les déplacements quotidiens des individus lors de l'analyse de la propagation d'une épidémie. Dans notre modèle, les individus ordinaires auront principalement pour rôle d'effectuer des déplacements quotidiens inter et intra-zones. Ces déplacements sont liés à leurs activités professionnelles, à leurs activités de loisir, ...
- Le personnel médical : Nous définissons, dans le cadre de cette modélisation, le personnel médical comme étant l'ensemble des professionnels de santé qui, durant l'épidémie, sera amené à intervenir auprès des patients. Ils constituent donc l'ensemble des généralistes, des infirmiers et des pédiatres. Tout comme les individus ordinaires, ils effectuent également des déplacements quotidiens inter et intra-zones, soignent les agents malades, détectent et signalent aux décideurs tous nouveaux cas.
- Les décideurs et emplois à caractère prioritaire : Comme leur nom l'indique, les décideurs sont ceux en charge de la prise de décision et les emplois prioritaires font référence à des agents ayant une activité professionnelle à protéger : police, pompiers, employés de l'énergie, ... Outre les déplacements quotidiens inter et intra-zones, les décideurs suivent l'évolution de l'épidémie grâce aux informations reçues par les personnels médicaux. Ils doivent aussi être en mesure de connaître l'état du système de santé, à savoir s'il peut encore fonctionner de façon normale ou s'il est nécessaire de passer en fonctionnement

d'exception.

Chaque agent a la possibilité d'utiliser le moyen de transport de son choix : utilisation de transport en commun ou utilisation de transport privé. Nous disposons donc de deux matrices de déplacements :

1. L'une pour les trajets s'effectuant dans les transports publics au cours desquels les contaminations sont possibles entre les agents.
2. L'autre concernant les déplacements en transport privé. Ce dernier est défini comme étant un type de transport où il n'y a pas de contamination possible entre les agents.

En intégrant au cours de la journée, les moments de transport entre le domicile et le lieu de travail ou autre, il est possible de comptabiliser dans les différentes périodes de la journée les contaminations qui ont lieu et de suivre ainsi, au jour le jour, en fonction des comportements des agents, la progression de l'épidémie et le niveau de charge du système de santé. Notre modèle est fondé sur deux sous-modèles en interaction : le modèle monde et le modèle individu. Ces deux modèles sont décrits dans les paragraphes suivants.

Spécification du modèle monde

L'environnement socio-économique englobe l'offre de soins et est représenté par les structures suivantes :

- lieux d'enseignement
- crèches, garderies
- lieux de soins
- lieux de travail
- ...

L'offre de soin est mesurée par la présence des lieux de soins et du personnel de santé.

Chacune de ces structures, considérée comme système multi-agents, est située dans une zone géographique (l'environnement situé de l'agent) composée d'une population qui elle, est formée d'agents (se référer à la figure 3.1).



FIGURE 3.1 – Représentation du modèle monde.

Nous obtenons donc une maquette simplifiée du monde, soit de la société. Dans « notre monde », nous avons un certain nombre d'établissements à savoir des lieux d'enseignements, lieux de soins, lieux de travail, crèches ou garderies qui sont situés dans des zones géographiques contenant un ensemble d'agents interagissant entre eux. Les caractéristiques des agents sont détaillées dans le modèle individu décrit ci-dessous.

Spécification du modèle individu

Au cours de l'épidémie, un agent change d'état de santé selon le classique modèle SEIR (se référer à la figure 3.2) :



FIGURE 3.2 – Présentation du modèle SEIR.

Ce type de modèle a été retenu dans notre cas car il représente le modèle le plus complet et le plus réaliste dans le cadre du traitement d'une épidémie de grippe. En effet, une même souche de grippe ne peut être contractée deux fois par un même agent au cours d'une même période épidémique. De plus, à la suite d'une rencontre entre deux agents dont l'un est infectieux et l'autre susceptible, il existe une période dite latente où le virus se développe au sein du corps humain. Il s'agit des 24 heures précédant l'apparition des symptômes. A ce stade, l'agent infecté ne propage pas encore autour de lui le virus.

Par ailleurs, nous pouvons noter que la durée de ces phases est plus ou moins longue car elle dépend de caractéristiques propres à l'agent (anticorps,...) et du traitement transmis par le personnel médical (prévention, rapidité du traitement = temps de réaction,...).

L'agent exposé est infecté mais ne peut pas contaminer d'autres agents, contrairement à l'agent infectieux qui lui est simultanément infecté et infectieux. La transition d'une phase à une autre est modélisée de façon markovienne .

In fine, un agent est dans un premier temps susceptible d'attraper le virus (état S). Il restera à ce stade tant qu'il ne sera pas en contact avec un agent infectieux où, il devient exposé (état E) c'est-à-dire qu'il sera infecté mais durant une certaine période, il ne pourra transmettre le virus à un agent. Il devient ensuite infectieux (état I) et peut donc transmettre le virus. Après un certain temps, il est immunisé et revient en bonne santé (état R). Un agent peut également être immunisé suite à la prise d'un vaccin sur cette même période.

Par définition, un malade déclaré est un patient qui a consulté et pour lequel le diagnostic s'est révélé positif. Nous faisons l'hypothèse qu'il reste chez lui pendant un certain nombre de jours et ne peut donc contaminer que les membres de son foyer. Par la suite, conformément au modèle SEIR, il est immunisé.

Le modèle individu peut être illustré de la façon suivante :

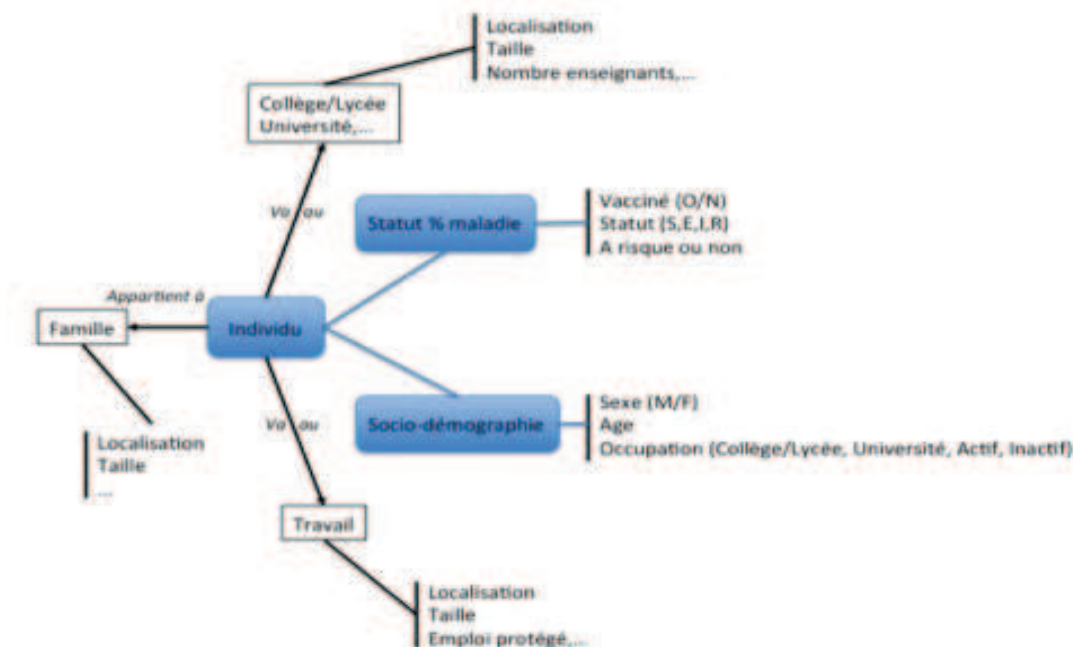


FIGURE 3.3 – Représentation des caractéristiques d'un agent.

Chacun des agents appartient à une famille dont nous connaissons la taille et la localisation. Chaque agent se déplace d'un lieu géographique à un autre au moyen d'un type de transport

(privé ou commun). Les bases de données permettent de connaître la matrice des flux de transport entre ces différents lieux (données INSEE).

L'agent est caractérisé par son statut par rapport à la maladie :

- Vacciné ou non : Cette information est utile car elle nous permet de juger de l'immunité de l'agent.
- Son état de santé relativement à la grippe : L'agent est-il dans l'état S, E, I, ou R ?
- Sujet à risque ou non : asthmatique ?, femme enceinte ?...
- ...

Nous intégrons également des informations de type socio-démographiques à son sujet :

- Sexe. Cette information n'est pas très utile dans le cadre de l'analyse de la propagation d'une épidémie de grippe sauf si on émet l'hypothèse qu'une proportion de la population des femmes est enceinte. Dans notre cas, nous ne tiendrons pas compte de cette donnée.
- Age. Suite à une discussion entre les différents groupes de travail sur la grippe en Europe, il a été décidé de distinguer quatre tranches d'âge : 0-4 ans, 5-14 ans, 15-64 ans, 65 ans et plus.
- Secteur d'activité. Cette information est importante puisqu'elle permet de juger du caractère prioritaire de l'emploi de l'agent. Comme spécifié dans le chapitre 1, certaines entreprises ne peuvent cesser leur activité et certains services publics doivent pouvoir fonctionner sans discontinuité : police, pompiers,...
- ...

Au cours de la journée, un agent est amené à effectuer un certain nombre de déplacements « aller-retour » où il sera soit seul soit en groupe pour des raisons professionnelles (collège, lycée, université, lieux de travail) ou privées. Les différents modes de déplacement sont pris en compte dans le modèle de manière à intégrer les possibilités de contamination dans les transports en commun. Notons qu'un agent peut aussi prendre la décision de ne pas se déplacer au cours d'une journée.

Lors des divers trajets journaliers, un agent sera amené à rencontrer à tout instant un certain nombre d'autres agents. Chaque agent possède un système d'acointances, c'est-à-dire une liste d'autres agents avec lesquels il est en contact, d'une manière ou d'une autre. Cette liste est de première importance dans notre cas, puisque le contact est à la base de la diffusion du virus. Le système d'acointances joue également un rôle primordial dans la modélisation des contacts autres que durant les transports : travail, loisirs, etc. On voit bien ici à quel point il est donc nécessaire de prendre en compte divers types de relations entre les agents, ce qui met en évidence

l'insuffisance d'une modélisation par un graphe simple.

Notre modèle est fondé sur la combinaison d'un environnement physique et socio-économique. L'espace physique peut être schématisé par un graphe où les sommets constituent les zones géographiques considérées et les arcs représentent les flux de transports. Nous distinguons les flux caractérisant les transports collectifs et ceux caractérisant les transports privés.

3.1.3 Hypothèses

Dans la spécification de notre modèle, nous posons les hypothèses suivantes :

- H_0 : Pas de prise en compte de la contamination nocturne.
- H_1 : La durée de non contagiosité autrement dit la période latente, dans le cas de la grippe, est fixée à une journée .
- H_2 : On suppose que les agents empruntent le même type de transport le soir que celui utilisé le matin.
- H_3 : Tout agent consultant un personnel médical avec des signes semblables à ceux de la grippe est considéré comme un agent malade.
- H_4 : Les malades déclarés par le personnel médical disposent d'un arrêt de travail suivant une loi uniforme de trois à sept jours. Un malade déclaré est un malade qui a été confirmé grippé suite à une consultation chez un personnel médical.
- H_5 : Au cours de la période épidémique, tout agent ayant eu la grippe une fois sort du système et devient donc immunisé.
- H_6 : Une proportion fixe d'agents sont immunisés au début de la période épidémique.
- H_7 : Les agents à risque sont les enfants en bas âge (maternelle, crèche, garderie...), les personnes âgées (maison de repos, centre d'accueil...), les personnels de santé, les femmes enceintes, les personnes ayant des maladies chroniques, les personnes ayant un traitement qui affaiblit l'immunité (immunosuppresseurs, chimiothérapie, transplantation, antibiotiques...).
- H_8 : Le nombre de consultations quotidiens d'un personnel médical suit une loi normale de moyenne vingt patients et d'écart-type trois patients.
- H_9 : L'unité de temps considérée est la journée.

3.1.4 Notations

Dans le cadre de notre expérimentation, nous travaillons à partir de données issues de l'INSEE et des GROG sur quatre départements : Rhône, Loire, Isère et Ain. Pour chacun des départements français, nous disposons des informations suivantes :

- N_i^t : Nombre d'agents résidant dans le département i à la date t . Sachant que nous disposons de trois types d'agents (habitants, personnel médical et décideurs), nous avons : $N_i^t = N_i^t(\text{Hab}) + N_i^t(\text{Med}) + N_i^t(\text{Dec})$. En considérant leur statut vis-à-vis de l'épidémie, nous avons : $N_i^t = N_i^t(\text{Hab})^S + N_i^t(\text{Hab})^E + N_i^t(\text{Hab})^I + N_i^t(\text{Hab})^R + N_i^t(\text{Med})^S + N_i^t(\text{Med})^E + N_i^t(\text{Med})^I + N_i^t(\text{Med})^R + N_i^t(\text{Dec})^S + N_i^t(\text{Dec})^E + N_i^t(\text{Dec})^I + N_i^t(\text{Dec})^R$.
- $N_i^t(\text{Hab})$: Nombre d'agents de type habitant résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Med})$: Nombre d'agents de type personnel médical résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Dec})$: Nombre d'agents de type décideur résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Hab})^S$: Nombre d'agents susceptibles de type habitant résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Hab})^E$: Nombre d'agents infectés non infectieux de type habitant résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Hab})^I$: Nombre d'agents infectieux de type habitant résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Hab})^R$: Nombre d'agents immunisés de type habitant résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Med})^S$: Nombre d'agents susceptibles de type personnel médical résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Med})^E$: Nombre d'agents infectieux de type personnel médical résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Med})^I$: Nombre d'agents infectés non infectieux de type personnel médical résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Med})^R$: Nombre d'agents immunisés de type personnel médical résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Dec})^S$: Nombre d'agents susceptibles de type décideur résidant dans le département i à la date t .

- $N_i^t(\text{Dec})^E$: Nombre d'agents infectés non infectieux de type décideur résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Dec})^I$: Nombre d'agents infectieux de type décideur résidant dans le département i à la date t .
- $N_i^t(\text{Dec})^R$: Nombre d'agents immunisés de type décideur résidant dans le département i à la date t .
- N_{ii}^t : Flux de mobilités du département i vers le département i à la date t .
- N_{ij}^t : Flux de mobilités du département i vers le département j à la date t .
- $H_i^t = N_{ii}^t + N_{ij}^t$: Nombre total d'agents du département i qui effectuent un déplacement à la date t .
- C_i^t : Nombre d'actifs résidant dans le département i à la date t .
- E_i^t : Nombre d'entreprise par catégorie résidant dans le département i à la date t .
- P_i^t : Nombre total d'emploi des agents salariés et non salariés dans le département i à la date t .
- B_i^t : Taille des ménages dans le département i à la date t .
- F_i^t : Nombre d'agents scolarisés de 2 ans et plus dans le département i à la date t .
- G_i^t : Nombre d'agents non scolarisés dans le département i à la date t .
- R_i^t : Nombre d'établissements scolaires dans le département i à la date t .
- Q_i^t : Nombre d'établissements de soins par type dans le département i à la date t .
- J_i^t : Nombre de lits par département i à la date t .
- L_i^t : Nombre de professionnels de santé libéraux dans le département i à la date t .
- K_i^t : Nombre de professionnels de santé exerçant par type dans le département i à la date t .

3.1.5 Structure et paramètres du modèle

Dans notre modèle, l'agent est caractérisé par :

- Son secteur d'activité
- Son état de santé
- Son niveau de risque par rapport à la grippe
- Le département où il réside
- Le département où il travaille (éventuellement le même que le département où il réside)
- Ses activités de loisir.

L'environnement comprend :

- L'espace géographique : l'ensemble des quatre départements considérés.
- La période épidémique (de septembre à mars).

Les paramètres retenus pour le modèle sont :

- α_i = Taux d'infectés contagieux dans le département i.
- α'_i = Taux d'infectés non contagieux dans le département i.
- $I_i = \alpha_i + \alpha'_i$ = Taux d'infectés dans le département i.
- β_i = Taux d'infection (Nombre d'agents infectés par un agent résidant dans le département i).
- γ_{ii} = Taux d'infectés contagieux qui circulent dans le département i.
- γ'_{ii} = Taux d'infectés non contagieux qui circulent dans le département i.
- γ_{ij} = Taux d'infectés contagieux qui circulent du département i vers le département j.
- γ'_{ij} = Taux d'infectés non contagieux qui circulent du département i vers le département j.
- δ_{ii} = Taux d'agents qui circulent dans le département i.
- δ_{ij} = Taux d'agents qui circulent du département i vers le département j.
- λ_{ii} = Taux de contact des agents du département i = Pourcentage d'agents du département i rencontrés par des agents du même département i.

- λ_{ij} = Taux de contact des agents du département i arrivant dans le département j = Pourcentage des agents du département j rencontrés par des agents du département i.
- τ_i = Taux de contamination nocturne.
- Le taux de mortalité liée au virus épidémique.
- Le taux de guérison.
- Le taux de contact par unité de temps par agent.
- La probabilité de transmission du virus d'un agent à un autre.
- La période latente qui suit une loi de Poisson.
- Le taux de personnels médicaux indisponibles.
- Le taux de déplacements en transports collectifs (car, SNCF...).
- Le climat (4 à 5 scénarios).
- Le nombre de jours qu'attends un agent avant de consulter le personnel médical.
- La proportion d'agents qui consulte le personnel médical.
- La longueur de la période infectieuse.
- Le temps d'attente dans chacune des classe S, E, I, R.
- La probabilité de transmettre le virus lors d'un contact avec un agent infectieux.
- Le taux de personnes à risque.

Étant donnés deux département i et j, nous considérons les déplacements des agents en différenciant le transport privé du transport public.

Chaque matin, nous comptabilisons le nombre d'agents contagieux ou pas. Les contaminations se font lors des contacts durant le transport ou sur les lieux de travail, de loisirs ; de manière générale en toute occasion provoquant un contact.

Notre unité de temps, la journée, est fractionnée en quatre états :

- Le matin : Départ d'une zone i vers une zone j.
- Arrivée dans la zone j.

- Séjour dans la zone j.
- Retour vers la zone i.
- Arrivée dans la zone i.

Avant chacune de ces étapes, nous comptabilisons le nombre d'agents infectés. Le modèle est simplifié du fait que l'on suppose qu'il n'y a pas de contamination nocturne et que les agents empruntent le même type de transport le soir et le matin.

Étant données deux zones géographiques i et j ayant respectivement N_i et N_j habitants, nous observons les déplacements inter et intra zones où n_{ij}^k représente le nombre de personnes se déplaçant de la zone i à la zone j, avec i pouvant être égale à j, et k = 1 ou 2 selon le mode de transport emprunté. L'utilisation du trajet en transport privé (k=1) est schématisé par une flèche discontinue alors que le transport en commun (k = 2) est en continue (se référer à la figure 3.4).



FIGURE 3.4 – Exemples de déplacements inter et intra-départementaux en intégrant le type de transport.

Ainsi, nous avons :

$$N_{ix}^t = n_{ix(1)}^t + n_{ix(2)}^t \text{ où :}$$

$$n_{ix(1)}^t = \delta_{ix} * N_{ix}^t \text{ et}$$

$$n_{ix(2)}^t = (1 - \delta_{ix}) * N_{ix}^t.$$

$n_{ix(1)}^t$: agents du département i utilisant le transport en commun pour se rendre dans le département x à la date t.

$n_{ix(2)}^t$: agents du département i utilisant le transport privé pour se rendre dans le département x à la date t.

On suppose que les agents qui se déplacent d'un département à un autre ne marquent aucun arrêt (arrêt sur aire d'autoroute, ...).

3.1.6 Processus de comptabilisation des agents

Ce modèle nécessite la comptabilisation journalière des malades. On se base essentiellement sur les flux de mobilité pour établir cette comptabilisation.

Pour toutes zones géographiques i et j considérées, avec $i \neq j$, nous avons le dénombrement suivant :

1. Au départ d'une zone i , le matin, à la date t , nous comptabilisons :

– Nombre d'infectés contagieux :

$$D_{ic}^M(t) = \gamma_{ii} N_{ii}(t) + \gamma_{ij} N_{ij}(t)$$

– Nombre d'infectés non contagieux :

$$D_i^M(t) = \gamma_{ii'} N_{ii}(t) + \gamma_{ij'} N_{ij}(t)$$

– Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{D_i^M(t)} = (1 - \gamma_{ii} - \gamma_{ii'}) N_{ii}(t) + (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) N_{ij}(t)$$

Des agents sont amenés à se contaminer durant le transport, donc :

2. A l'arrivée en j , nous avons :

– Nombre d'infectés contagieux :

$$A_{jc}^M(t) = \gamma_{ij} N_{ij}(t)$$

– Nombre d'infectés non contagieux :

$$A_j^M(t) = \gamma_{ij'} N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1, n_{ij}^1 \text{ est le nombre d'agents qui, ayant emprunté un transport en commun, ont été contaminé durant le trajet de } i \text{ vers } j.$$

– Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{A_j^M(t)} = (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1) \text{ non infectés.}$$

Au cours du séjour en j , les contaminations entre agents sont effectuées sur le lieu professionnel, d'enseignement ou de loisirs :

3. Lors du séjour en j , nous avons :

Dans la zone j , il y a un certain nombre d'agents infectés. D'où, pour j :

– Nombre d'agents infectés :

$$S_j(t) = \sum_{i=1}^p (\gamma_{ij} \lambda_{ij} N_{ij}(t) N_j^\theta) + \alpha_j N_j^\theta$$

– Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{S_j(t)} = N_j^\theta - [(\gamma_{ij} \lambda_{ij} N_{ij}(t) + \alpha_j) * N_j^\theta], \theta = 1 \text{ si l'agent utilise un transport en commun et } 2 \text{ sinon.}$$

Faisons le même calcul pour les habitants de i séjournant en j :

- Nombre d'agents infectés contagieux de i arrivés en j :

$$A_j^M(t) + A_{jc}^M(t) = (\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1$$
- Nombre d'agents infectés non contagieux arrivée en j :

$$S_{ij}(t) = \alpha_j \overline{A_j^M(t)} = \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$$
- Nombre d'agents non infectés qui repartent de j :

$$\overline{S_{ij}(t)} = (1 - \alpha_j) \overline{A_j^M(t)} = (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$$

Au départ de la zone j, nous avons :

- Nombre d'agents infectés :

$$D_i^S(t) = (\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i n_{ij}^1 (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) + \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$$
- Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{D_i^S(t)} = (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)$$

En fin de journée, en considérant l'hypothèse que les agents empruntent le même type de transport le soir que le matin, nous obtenons les résultats suivants.

4. à l'arrivée en i :

- Nombre d'agents infectés :

$$A_i^S j(t) = (1 - \delta_{ij}) [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1 + \alpha_j * (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)] + \beta_i * \delta_{ij} * [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1 + \alpha_j * (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)]$$
- Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{A_i^S j(t)} = (1 - \delta_{ij}) (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1) + \delta_{ij} (1 - \alpha_j) (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1) - \beta_i \delta_{ij} * [(\gamma_{ij} + \gamma_{ij'}) N_{ij}(t) + \beta_i (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) n_{ij}^1 + \alpha_j (1 - \gamma_{ij} - \gamma_{ij'}) (N_{ij}(t) - \beta_i n_{ij}^1)]$$

Nous obtenons donc à l'issue de la journée en j :

- Nombre d'agents infectés :

$$F_i(t) = \sum_{j=1, j \neq i}^p A_i^S j(t)$$
- Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{F_i(t)} = \sum_{j=1, j \neq i}^p \overline{A_i^S j(t)}$$

Le taux de contamination nocturne est supposé nul dans un premier temps de manière à simplifier le modèle. Avant le départ en i à la date t+1, nous avons :

- Nombre d'agents infectés :

$$D_i^M(t+1) = F_i(t) + \tau_i \overline{F_i(t)}$$
- Nombre d'agents non infectés :

$$\overline{D_i^M(t+1)} = F_i(t) - \tau_i \overline{F_i(t)}$$

3.2 Le modèle de simulation informatique

3.2.1 Les logiciels de simulation

Afin de procéder à la simulation de notre modèle, nous avons utilisé deux logiciels : ARC-GIS et REPAST. Dans cette partie, nous allons expliciter quelques notions relatives à leur utilisation ainsi que les raisons pour lesquelles nous avons opté pour ces logiciels.

1 : Le logiciel ARCGIS

ArcGIS est un logiciel d'ESRI - Environmental Systems Research Institute - (leader mondial dans les systèmes d'informations géographiques) qui permet de manipuler, de gérer, d'analyser et d'éditer des données spatiales. Simultanément, on peut manipuler plusieurs couches d'informations spatiales d'où la possibilité d'analyser une ou plusieurs couches sous le contrôle des autres. Toutes ces couches, décrivant un espace géographique, sont liées car elles appartiennent au même espace géographique et ont le même système de coordonnées.

Le logiciel ArcGIS comprend trois niveaux permettant de faire des cartes, des analyses géographiques et des applications internet :

- ArcView : le plus simple et le plus basique disposant de quelques fonctions d'édition.
- ArcEditor.
- ArcInfo : dispose de toutes les fonctions existantes. Dans le cadre de ce travail, nous utilisons ce logiciel.

Chacun de ces trois produits comprend :

- ArcMap qui est la principale application de ArcGIS. Elle permet d'éditer, de faire des rapports, de manipuler, de gérer, d'analyser et d'éditer les couches d'informations (se référer à la figure 3.9).

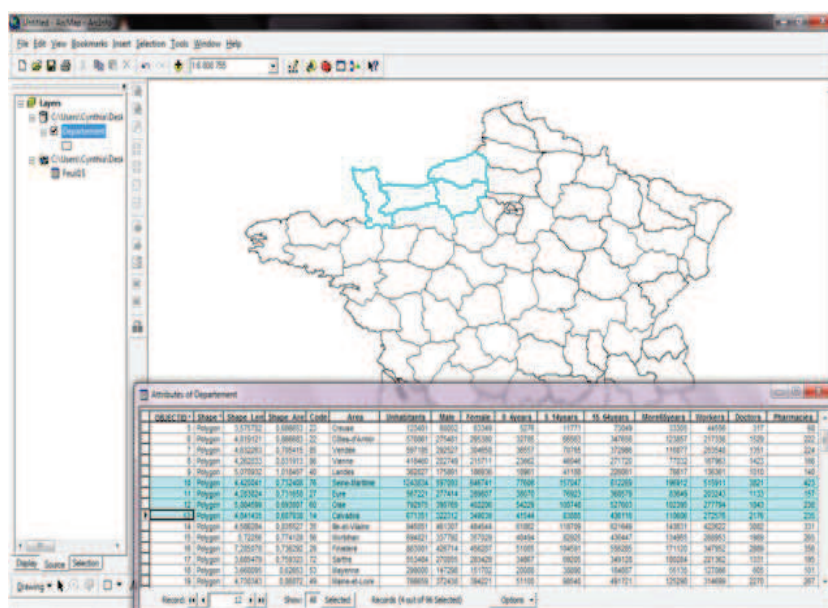


FIGURE 3.5 – Présentation de la plateforme ArcMap.

- ArcCatalog qui est un explorateur de données tabulaires et cartographiques qui permet de gérer et d'organiser les données (copier, renommer, effacer. .) (se référer à la figure 3.6).
- ArcToolbox qui est une boîte à outils permettant de convertir les formats et les projections.

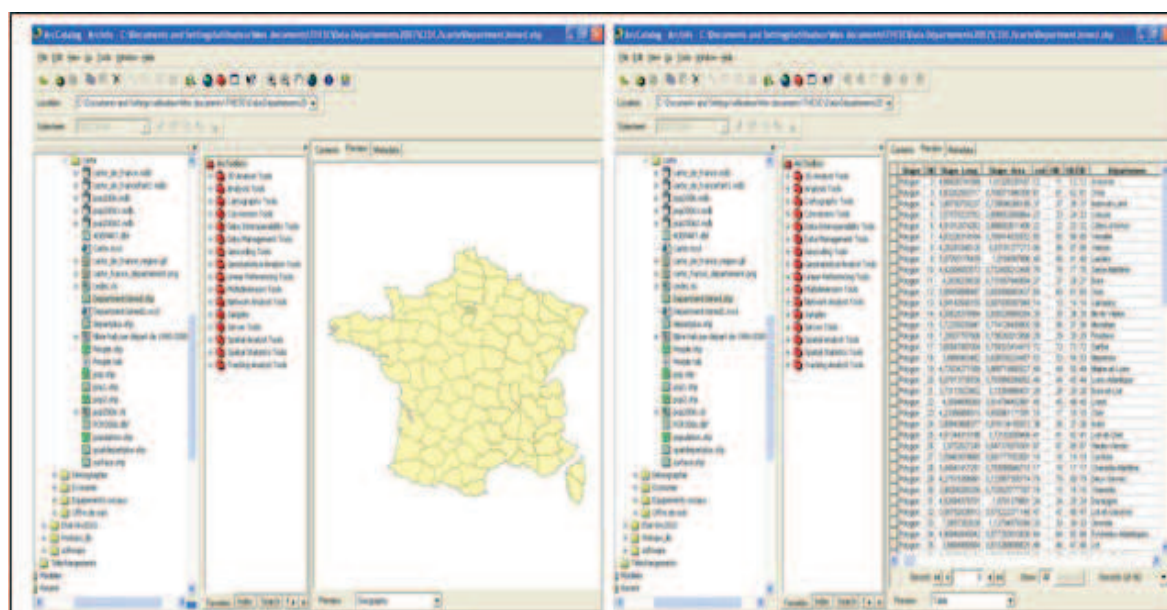


FIGURE 3.6 – Présentation de la plateforme ArcCatalog contenant l’outil ArcToolbox.

Dans le cadre de ce travail, nous utilisons la version 9.3 de ArcGIS . ArcGIS étant l'un des Systèmes d'Informations Géographiques (SIG) les plus utilisés, nous avons décidé de l'utiliser

pour géoréférencer les données dont nous disposons. De cette manière, nous obtenons un fichier de type shapefile qui nous est nécessaire pour la gestion de notre base de données dans Repast.

2 : La plateforme de simulation multi-agent REPAST

Une plateforme de simulation multi-agent peut être définie comme étant « une infrastructure logicielle utilisée en tant qu’environnement pour le développement, et l’exécution d’un ensemble d’agents dans le cadre d’une simulation, ainsi que l’analyse des résultats » [113].

F. Bousquet, C. Le Page, J.P. Müller distinguent trois types de plateformes de simulation multi-agent [49] : les plateformes dédiées, les plateformes orientées éco-système et les plateformes génériques .

La plateforme générique REPAST est une abréviation de REcursive Porous Agent Simulation Toolkit et a été initialement développée à l’université de Chicago. C’est un logiciel open-source facilement téléchargeable à l’adresse [244] qui permet de faire des simulations orientées agents en utilisant le langage Java. Outre cet avantage, selon R. Tobias et C. Hofmann [211], Repast est à l’heure actuelle la plateforme de simulation la plus appropriée pour la modélisation appliquée à des problèmes de sciences sociales. REPAST permet de plus une intégration de données géoréférencées ainsi que la représentation en 2D et 3D.

Il existe différentes versions de Repast mais nous utilisons Repast Symphony qui a été la version la plus récente lorsque nous avons débuté ce travail de simulation. Actuellement, la version la plus récente est ReLogo. La plateforme Repast Symphony se présente de la manière suivante :

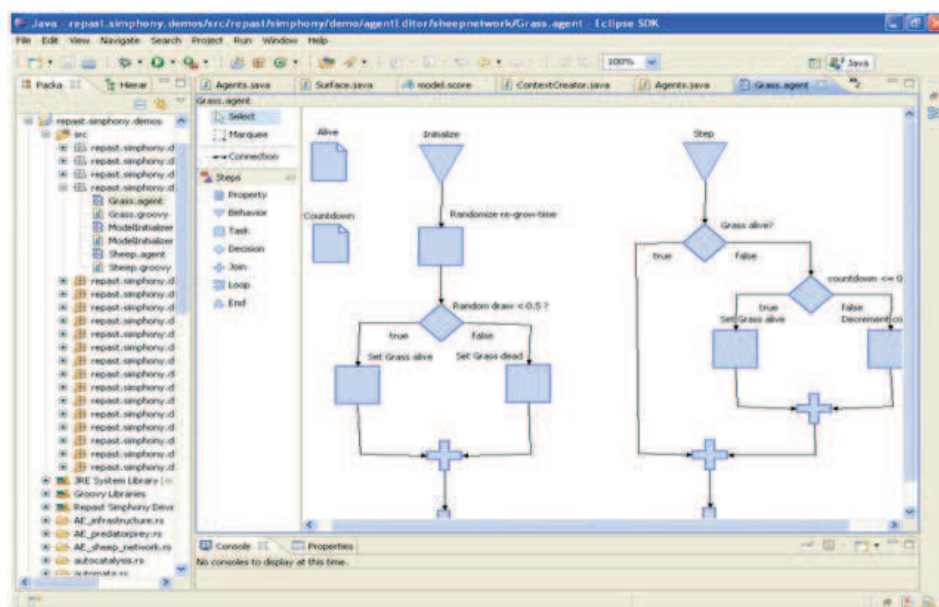


FIGURE 3.7 – Présentation de la plateforme Repast Symphony.

Une fenêtre spéciale est destinée à la visualisation de la simulation.

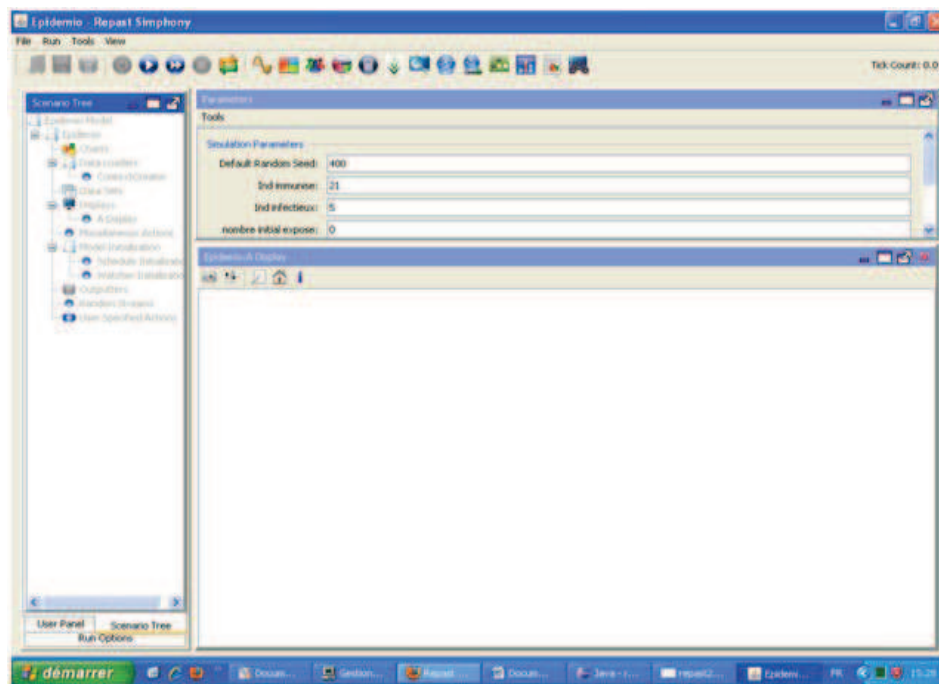


FIGURE 3.8 – Présentation de la plateforme Repast Symphony.

3.2.2 Le modèle de simulation

Dans cette partie, nous décrivons les différents éléments intervenants au cours de la simulation.

Nous considérons un ensemble E contenant l'ensemble des agents pris en compte dans la simulation.

Chacun des agents est réparti dans une zone géographique qui est, dans ce cas, un des quatre départements choisis. La création de ces zones géographiques a nécessité l'utilisation de l'outil ArcGIS. On dispose préalablement d'une carte numérique des départements français provenant de l'institut des GROS et de l'INSEE. ArcGIS nous a permis de créer un fichier de type shapefile (extension .shp) qui contient une table de données géoréférencées ayant l'intégralité des données souhaitées. (se référer à la figure 3.9).

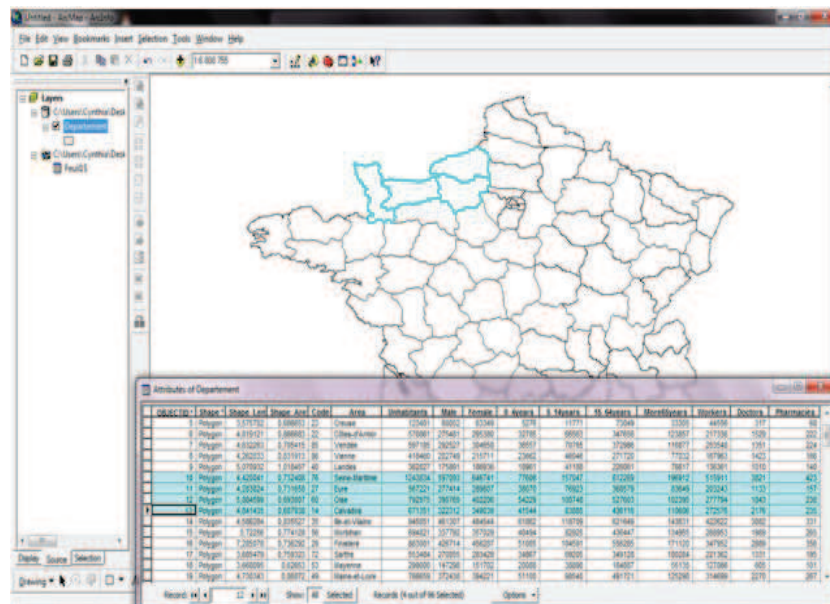


FIGURE 3.9 – Carte des départements français géoréférencés avec ArcGIS.

A l'issue de la création de ce fichier, il s'agit de l'importer dans le logiciel Repast Symphony. Il convient de noter que ce dernier ne permet pas d'utiliser directement des fichiers de type shapefile (.shp) comme support. En revanche, nous avons pu utiliser les API de Geotools qui sont intégrées à Repast Symphony de manière à résoudre le problème.

Pour la réalisation de cette simulation, nous avons considéré uniquement quatre départements français : Le Rhône, l'Ain, l'Isère et la Loire. Chacun de ces départements dispose d'un certain nombre d'agents qui y résident.

Chaque agent est dans un état de santé : S, E, I ou R. L'état de santé de l'agent est caractérisé par une couleur dans le modèle : S : vert, E : orange, I : infectieux, R : bleu.

Et, comme nous l'avons déjà mentionné, nous avons trois types d'agents : les individus ordinaires, le personnel médical et le dernier type comprendra les emplois à caractère prioritaire (policiers, gendarmes, pompiers...) ainsi que les décideurs (préfets des départements). La représentation du type de l'agent est caractérisé par une forme géométrique dans le modèle : Habitant : rond, Personnel Médical : triangle, décideurs et emplois prioritaires : carré. Par commodité de langage, le troisième type d'agent sera appelé emploi prioritaire.

La figure 3.10 représente 20 agents répartis dans les quatre départements. Sur cet exemple, nous avons deux habitants sains, un habitant infectieux, un personnel médical immunisé et un emploi prioritaire sain par département.

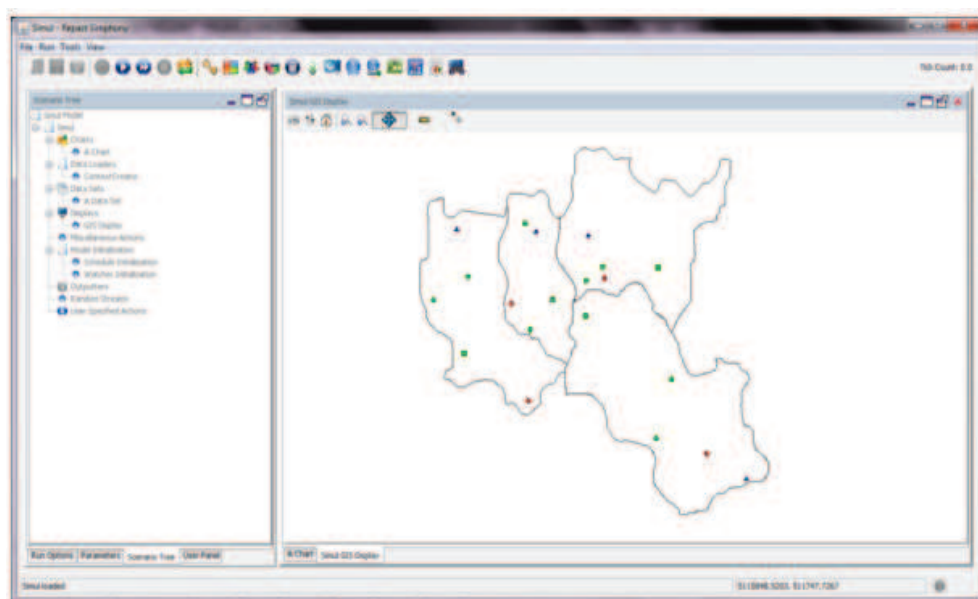


FIGURE 3.10 – Représentation des agents dans des zones géographiques.

Par ailleurs, il faut noter que chaque agent dispose d'une probabilité à priori de se faire infecter quand il rencontre un infectieux qui sera géré dans le modèle par un niveau de risque. Ce niveau de risque est lié aux antécédents médicaux de chaque agent (femmes enceintes, agents asthmatiques...). Nous distinguons trois niveaux de risque : 0, 1 et 2. Plus le niveau de risque sera élevé et plus l'agent, à l'occasion d'un contact avec un infectieux, peut contracter plus facilement le virus. Nous supposons que tout agent vacciné dispose d'un niveau de risque nul. En revanche, un personnel médical, pouvant être constamment en contact avec les agents infectieux, ne dispose pas d'un risque nul sauf s'il est vacciné bien sûr.

Chaque zone géographique dispose d'une relation qui traduit la structure familiale de la population (relation de ménage). Cette relation binaire est établie sur l'ensemble des agents de chaque département. Il existe autant de relation de ménage que de départements. La particularité de cette relation c'est qu'elle est figée tout au cours de la simulation.

L'unité de temps considérée est la journée.
Chaque journée se déroule de la manière suivante :

- A l'initialisation de la journée, on comptabilise les divers types d'agents : susceptibles, infectieux, exposés et immunisés.
Chaque agent est activé dans un état de santé donné, avec ses caractéristiques propres (âge, lieu de résidence, niveau de risque...).
- Par la suite, on génère aléatoirement toutes les relations binaires nécessaires : relation qui gère les contacts entre individus pendant la période de transport, relations qui gèrent les contacts entre individus dans leur vie sociale (travail, loisir, ...). Dans cette version du modèle, cinq relations sont ainsi générées. A partir de ces cinq relations, la prétopologie stochastique faible est construite en utilisant la librairie Pretopolib [230, 151].
- Des comptabilisations intermédiaires sont effectuées au départ du lieu de résidence, à l'arrivée sur le lieu de travail, au départ du lieu de travail pour le retour au lieu de résidence et à l'arrivée au lieu de résidence. Nous pouvons ainsi prendre en compte les possibles contaminations pendant les périodes de transport ainsi que dans le courant de la vie de la journée.

La gestion du choix du type de transport, public ou privé, pour construire la relation « transport », se fait selon la règle suivante :

Étant donné l'agent k , on note $P_T(k)$ la probabilité pour que l'agent k utilise un transport public. Pour chacun des agents, on génère un nombre aléatoire qui suit une loi uniforme $u \rightarrow u[0, 1]$.

Si :

$u > P_T(k)$ alors k utilise un transport public.

$u \leq P_T(k)$ alors k utilise un transport privé.

Lors des contacts ayant eu lieu lors du voyage en transport public, on peut observer un changement d'état de santé de l'agent k . Le tableau suivant indique comment s'effectue le changement d'état de santé lorsque deux agents k et k' se rencontrent :

$k \setminus k'$	S	E	I	R
S	(S, S)	(S, E)	(E, I)	(S, R)
E		(E, E)	(E, I)	(E, R)
I			(I, I)	(I, R)
R				(R, R)

TABLE 3.1 – Règle du changement d'état de santé d'un agent

Les résultats sont symétriques quand l'agent k' rencontre l'agent k .
On constate que l'agent k ne change d'état que s'il est Sain et rencontre un agent Infectieux. Mais, ce changement d'état n'est pas systématique. Cela dépend du taux de virulence du virus d'une part et du niveau de risque de l'agent k d'autre part.

Soient :

T : le taux de virulence du virus

$nr(k)$: le niveau de risque de l'agent k

On définit la règle suivante qui définit la probabilité pour un agent k de passer de l'état S à E sachant T et $nr(k)$.

On génère un nombre aléatoire u qui suit une loi uniforme $u \rightarrow u[0, 1]$.

On considère $\alpha \in]0, 1[$ qui décrit le facteur de risque.

Si $nr(k) = 0$, on a :

$u > T$ alors k ne change pas d'état.

$u \leq T$ alors k change d'état.

Si $nr(k) = 1$, on a :

$u > (1 + \alpha)T$ alors k ne change pas d'état.

$u \leq (1 + \alpha)T$ alors k change d'état.

Si $nr(k) = 2$, on a :

$u > (1 + 2\alpha + \alpha^2)T$ alors k ne change pas d'état.

$u \leq (1 + 2\alpha + \alpha^2)T$ alors k change d'état.

Remarque 3.2.1 Quand un agent passe de l'état de santé S à E un jour donné J , automatiquement il passe à l'état I le jour $J+1$. Quand il est dans l'état I , il peut rester dans cette phase pendant sept à douze jours et, il peut décider d'aller voir ou non le médecin le plus proche de chez lui. A chaque fois qu'un médecin consulte un agent ayant des signes grippaux, il admet que l'agent est atteint du virus. Il le déclare et incrémente donc d'une unité son compteur « visite pour la grippe ».

Un individu qui décide de consulter son médecin ne le sera pas systématiquement. Cela dépend du nombre de patients que son médecin aura consulté le jour dit. Chaque médecin dispose chaque jour d'un nombre maximum de patients à consulter. Ce nombre qui suit une loi normale de moyenne 20 et d'écart-type 3. En cas de saturation du médecin, l'agent décidera le lendemain de consulter son médecin.

Quand l'agent k consulte un médecin, on suppose qu'il reste confiné chez lui pour une durée de trois à sept jours. Cette durée $\{3, 4, 5, 6, 7\}$ est tirée au sort avec équiprobabilité. Pendant cette durée, il ne contamine que son entourage et ne contamine personne d'autres.

Par la suite, soit l'agent devient immunisés (R) soit il décède.

3.3 Présentation des résultats

Notre démarche a été testée en procédant à trois types d'expérience. La première a consisté à simuler le fonctionnement du système sur cinq jours, avec une population donnée, dans le but de s'intéresser au calcul des indicateurs définis à partir du modèle prétopologique. La seconde a consisté à faire tourner notre modèle en intégrant trois scénarios relatifs à de possibles mesures contre la pandémie que pourrait prendre une agence gouvernementale. Dans cette expérience, nous nous sommes intéressés aux conséquences que ces mesures ont sur la distribution des personnes infectés, en d'autres termes, sur leur capacité à contenir la pandémie. La troisième et dernière expérience a pour objectif de suivre l'évolution d'une pandémie sur une population donnée, en tenant compte de la différente nature des individus qui composent cette population. Pour cela, nous avons simulé environ trois mois d'évolution (cent jours exactement) sans intégrer dans la simulation de mesures particulières, mais en nous focalisant sur les trois grandes catégories de population qui nous semblent importantes : les gens « ordinaires », les personnels du service de santé et les « emplois sensibles ».

3.3.1 Expérience 1 : Calcul des indicateurs « prétopologiques »

Pour effectuer le calcul des indicateurs du chapitre 2, nous avons réalisé donc une simulation de 5 jours soit une semaine ouvrée. Les agents sont répartis sur les quatre départements conformément au tableau suivant :

	S	E	I	R	Total
H	76	0	2	0	78
P	0	0	0	4	4
E	0	0	0	8	8
Total	76	0	2	12	90

TABLE 3.2 – Répartition des agents au sein des quatre départements à $t = 0$

Nous rappelons que S signifie individu susceptible, E signifie individu exposé, I signifie individu infecté et R signifie individu guéri. H, P, E permettent de différencier respectivement les trois catégories de population considérées : H pour Habitants « ordinaires », P pour le Personnel médical et E pour les Emplois sensibles.

Graphiquement, à l'initialisation, nous avons :

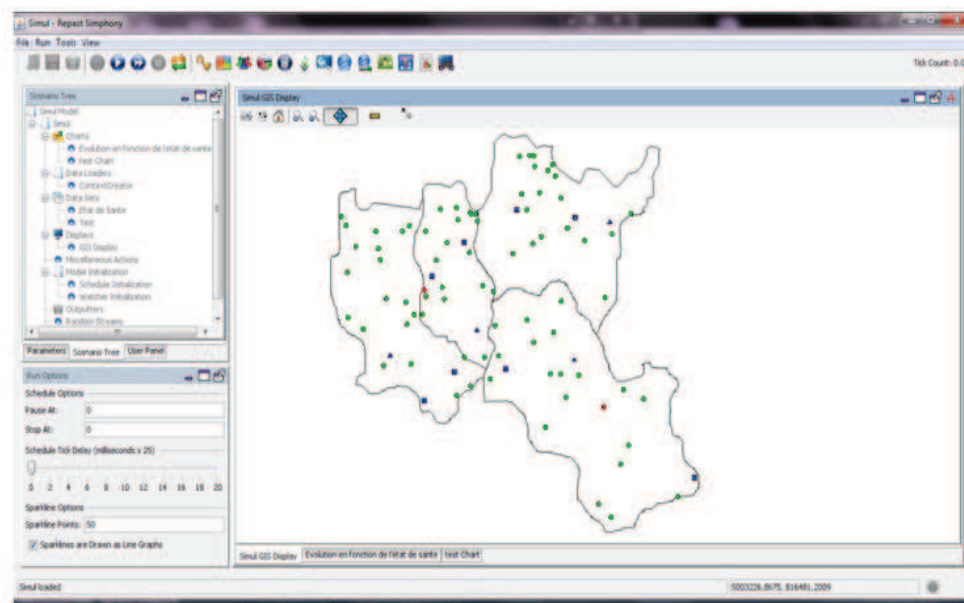


FIGURE 3.11 – Répartition des agents par département au début de la simulation.

Nous considérons que, par hypothèse, l'ensemble des personnels de santé (triangles) ainsi que les emplois sensibles (carrés) sont vaccinés dès le début de l'épidémie. D'autre part, nous avons réparti les deux personnes (agents en termes informatiques) infectieuses en les mettant l'une dans le département du Rhône et l'autre dans celui de l'Isère. Les caractéristiques de ces agents diffèrent peu. Ils sont de la même tranche d'âge, disposent du même niveau de risque (égal à 0), empruntent tous deux les transports en commun et se font tous deux soigner par le médecin le plus proche de chez eux. Mais, l'un (dans le Rhône) vit seul alors que l'autre (dans l'Isère) vit en couple.

A partir de cette répartition des agents, et tenant compte des cinq types de relations (professionnelles, ménage, loisirs...) intégrées dans le modèle, nous obtenons, au cinquième jour, la distribution d'états des agents suivante (vert=S, orange=E, rouge=I et bleu=R) :

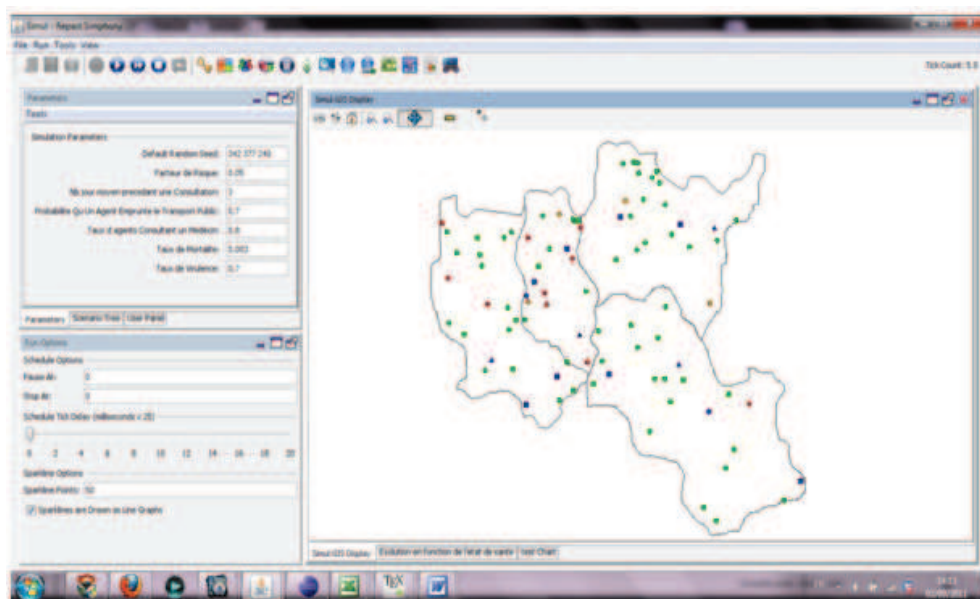


FIGURE 3.12 – État des agents au cinquième jour.

Dans cette expérience, compte tenu des relations initialement définies sur la population, on constate que les agents sont beaucoup plus atteints dans le département du Rhône.

Graphiquement, nous obtenons l'évolution des habitants infectieux suivante :

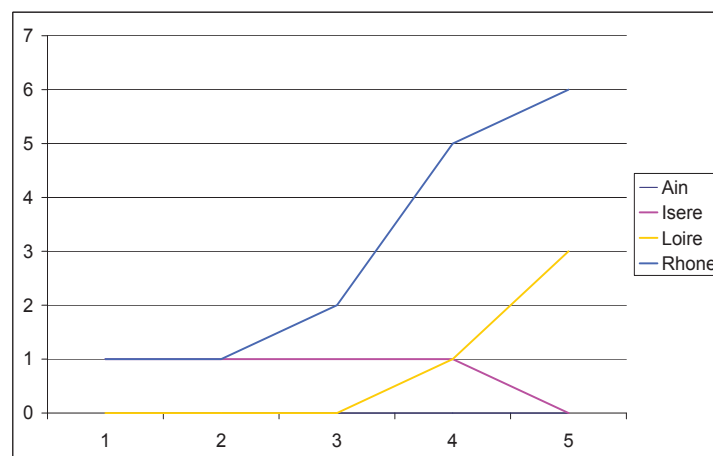


FIGURE 3.13 – Évolution du nombre d'infectieux par département.

Dans le département du Rhône, un habitant est décédé au cours du quatrième jour, l'information est intégrée le cinquième jour au matin et l'habitant est éliminé de toutes les relations à

cet instant.

Cette simulation a porté sur un ensemble E d'habitants d'effectif 90. Chaque habitant de E est numéroté de 1 à 90 ; Considérons l'ensemble A défini par : $A = \{6, 8, 13, 15, 22\}$. Il s'agit d'un groupe de 5 habitants du Rhône. Nous allons illustrer sur cet ensemble A , les calculs des paramètres prétopologiques introduits dans le chapitre précédent. Pour cela, nous allons calculer pas à pas, c'est à dire jour après jour, l'adhérence et l'intérieur de A . Il convient de rappeler que nous utilisons la prétopologie faible et que celle-ci étant une prétopologie de type \mathcal{V}_D , l'adhérence de toute partie A de E se calcule en prenant la réunion de l'adhérence de chacun des singletons qui la composent.

Le tableau ci-dessous donne l'adhérence de chaque élément de E à l'issue de la première journée, ce qui permet de calculer en particulier $a(A)$ et $i(A)$.

Identifiant	ADHERENCE JOUR 1	Identifiant	ADHERENCE JOUR 1
1	1, 38, 79, 7	46	63, 46, 51, 50
2	2, 3, 10, 11	47	48, 52, 47
3	2, 3, 10, 11	48	48, 52, 47, 24
4	4, 12, 13, 17, 50	49	49, 53
5	18, 5, 73, 15	50	51, 50, 46, 64, 61, 35, 4
6	6	51	51, 50, 46, 57, 78
7	7, 74, 45, 1	52	48, 52, 47, 30
8	8, 9	53	49, 53, 56, 66
9	9, 12, 15, 13, 8	54	54, 57, 61
10	2, 3, 10, 11, 79	55	55, 43
11	2, 3, 10, 11, 58, 79	56	85, 56, 31, 53, 57
12	32, 65, 12, 9, 4, 13	57	69, 18, 78, 57, 51, 54, 56
13	65, 9, 27, 13, 4, 12	58	19, 58, 11, 73, 61
14	37, 14	59	59
15	5, 9, 15, 16	60	61, 60
16	16, 15	61	50, 64, 61, 54, 60, 58, 66
17	17, 4, 23, 18	62	63, 62
18	18, 5, 27, 57, 17	63	63, 62, 46
19	70, 19, 58, 22	64	86, 64, 75, 50, 61
20	20, 30	65	65, 12, 13, 66
21	21, 42	66	53, 66, 61, 65
22	23, 22, 19	67	67, 75
23	17, 23, 22	68	68, 39
24	24, 29, 28, 48	69	69, 57, 73
25	25, 26, 31, 30	70	19, 70, 76
26	25, 26, 31, 30	71	71, 79
27	32, 33, 27, 18, 13	72	72, 28, 89, 80
28	24, 29, 28, 38, 72	73	5, 82, 58, 73, 69
29	24, 29, 28, 81	74	7, 40, 74, 75
30	25, 26, 31, 30, 20, 52	75	64, 67, 75, 74
31	25, 26, 31, 30, 32, 35, 56	76	76, 43, 70
32	32, 33, 27, 31, 12	77	77
33	32, 33, 27, 45	78	51, 57, 78, 89, 86, 90
34	34, 35	79	1, 10, 11, 79, 71
35	50, 35, 31, 34	80	80, 72
36	36	81	81, 29
37	37, 14	82	82, 73, 83
38	1, 38, 28, 39	83	84, 83, 82
39	68, 84, 39, 38	84	84, 39, 83
40	40, 74, 41	85	85, 56
41	40, 41	86	86, 64, 78
42	21, 42	87	87
43	55, 76, 43	88	88
44	44	89	78, 89, 72, 90
45	33, 7, 45	90	89, 90, 78

Les résultats consignés dans ce tableau, nous amènent au résultat suivant pour $a(A)$, à l'issue du premier jour :

$$a(J_1, A) = \{4, 5, 6, 8, 9, 12, 13, 15, 16, 19, 22, 23, 27, 65\}.$$

Nous en déduisons l'intérieur de A, à l'issue de la première journée :

$$i(J_1, A) = \{6\}.$$

Nous pouvons ensuite calculer les rapports d'adhérence et d'intérieur de A à l'issue de la première journée :

$$R_a(J_1, A) = \frac{\|a(J_1, A)\|}{\|A\|} = \frac{14}{5}$$

$$R_i(J_1, A) = \frac{\|i(J_1, A)\|}{\|A\|} = \frac{1}{5}$$

Nous pouvons constater que $R_a(J_1, A)$ est proche de 1 et que $R_i(J_1, A)$ est proche de 0 donc, pour ce scénario, l'ensemble A exerce beaucoup d'influence sur les autres agents et en subit peu.

D'après les définitions prétopologiques, le dérivé de A, à l'issue de la première journée est :

$$d(J_1, A) = \{4, 5, 9, 12, 16, 19, 23, 27, 65\}$$

Du dérivé de A, nous en déduisons sa cohérence :

$$c(J_1, A) = \emptyset$$

Nous pouvons constater qu'aucun élément de A n'est inclus dans le dérivé de A. Il s'en suit que A n'est constitué que de points isolés, dans A, pour ce scénario.

Le calcul du paramètre prétopologique $ds(J_1, A) = 5 = \text{Card}(A)$ nous permet de confirmer ce résultat.

Dans ce qui suit, nous allons reprendre l'ensemble de ces calculs pour les journées 2 à 5. A la suite de ces cinq journées, nous relevons les résultats suivants :

Identifiant	ADHERENCE JOUR 2	ADHERENCE JOUR 3
1	1, 38, 79, 7	1, 38, 79, 7
2	2, 3, 10, 11	2, 3, 10, 11
3	2, 3, 10, 11	2, 3, 10, 11, 9
4	17, 50, 4, 12, 13	17, 50, 4, 12, 13
5	18, 5, 73, 20	18, 5, 73
6	6	6, 9
7	7, 74, 45, 16, 1	7, 74, 45, 1
8	23, 8, 13, 9	8, 9
9	9, 13, 8	3, 18, 6, 9, 13, 8
10	2, 3, 10, 11, 79	2, 3, 10, 11, 79
11	2, 3, 10, 11, 58, 79	2, 3, 10, 11, 58, 79
12	32, 65, 12, 4, 13	32, 65, 12, 4, 13
13	65, 9, 27, 13, 8, 4, 12	65, 9, 27, 13, 4, 12
14	37, 14, 18	37, 14
15	16, 15	16, 15
16	16, 20, 7, 15	16, 15
17	17, 4, 23, 18	17, 4, 23, 18
18	18, 5, 27, 57, 17, 14	18, 5, 27, 57, 9, 17
19	70, 19, 58	70, 19, 58
20	16, 5, 20, 23, 30	20, 30
21	21, 42	21, 42
22	23, 22	23, 22
23	17, 23, 22, 20, 8	17, 23, 22
24	24, 29, 28, 48	24, 29, 28, 48
25	25, 26, 31, 30	25, 26, 31, 30
26	25, 26, 31, 30	25, 26, 31, 30
27	32, 33, 27, 18, 13	32, 33, 27, 18, 13
28	24, 29, 28, 38, 72	24, 29, 28, 38, 72
29	24, 29, 28, 81, 44, 35	24, 29, 28, 81
30	25, 26, 31, 30, 20, 52, 45	25, 26, 31, 30, 20, 52
31	25, 26, 31, 30, 35, 56	25, 26, 31, 30, 35, 56
32	32, 33, 27, 12	32, 33, 27, 12
33	32, 33, 27, 45	32, 33, 27, 45
34	34, 35	34, 35
35	35, 29, 44, 50, 31, 34	50, 35, 31, 34
36	36	36
37	37, 45, 14	37, 14
38	1, 38, 28, 39	1, 38, 28, 39
39	68, 84, 39, 38	68, 84, 39, 38
40	40, 74, 41	40, 74, 41
41	40, 41	40, 41
42	21, 42	21, 42
43	55, 76, 43, 44	55, 76, 43
44	35, 43, 29, 44	44
45	37, 45, 30, 33, 7	33, 7, 45

Identifiant	ADHERENCE JOUR 2	ADHERENCE JOUR 3
46	51, 50, 46, 63	51, 50, 46, 63
47	48, 52, 47	48, 52, 47
48	48, 52, 47, 24	48, 52, 47, 24
49	49, 53	49, 53
50	51, 50, 46, 35, 4	51, 50, 46, 35, 4
51	51, 50, 46, 78	51, 50, 46, 78
52	48, 52, 47, 65, 30	48, 52, 47, 30
53	49, 53, 66	49, 53, 66
54	54	54
55	55, 43, 56	55, 43
56	85, 56, 31, 55, 57	85, 56, 31, 57
57	69, 18, 78, 57, 56	69, 18, 78, 57, 56
58	19, 58, 11, 73, 61	19, 58, 11, 73, 61
59	59	59
60	60, 61	60, 61
61	66, 58, 61, 60	66, 58, 61, 60
62	62, 63	62, 63
63	46, 63, 62	46, 63, 62
64	86, 64, 75	86, 64, 75
65	65, 12, 13, 52, 66	65, 12, 13, 66
66	53, 66, 61, 65	53, 66, 61, 65
67	67, 75	67, 75
68	68, 39	68, 39
69	69, 57, 73	69, 57, 73
70	19, 70, 76	19, 70, 76
71	71, 79, 89	84, 71, 79
72	80, 72, 28	83, 72, 28, 80
73	69, 73, 5, 82, 58	5, 82, 58, 73, 69
74	74, 75, 7, 40	7, 40, 74, 83, 75
75	74, 75, 64, 67	64, 67, 75, 82, 74
76	70, 76, 43	76, 43, 80, 89, 70
77	77, 78	77
78	77, 78, 51, 57, 89	51, 57, 78, 89
79	1, 10, 11, 79, 71	1, 10, 11, 79, 71
80	80, 72	80, 76, 72
81	81, 29	81, 29
82	82, 73, 83	82, 73, 83, 75
83	84, 83, 82	84, 83, 72, 74, 82
84	84, 39, 83	84, 39, 83, 71
85	85, 56	85, 56
86	86, 64	86, 64
87	87	87
88	88	88
89	78, 89, 71, 90	78, 89, 76, 90
90	89, 90	89, 90

Identifiant	ADHERENCE JOUR 4	ADHERENCE JOUR 5
1	1, 38, 79, 7	1, 38, 79, 7
2	2, 3, 10, 11	2, 3, 10, 11
3	2, 3, 10, 11, 9	2, 3, 10, 11
4	17, 50, 4, 12, 13	4, 17, 50, 13
5	18, 5, 73, 8, 11	18, 73, 5
6	6	6, 16
7	7, 74, 45, 1	7, 74, 45, 1
8	8, 9, 5	8, 9
9	9, 13, 8	9, 13, 8
10	2, 3, 10, 11, 79	10, 79, 2, 3, 11
11	2, 3, 10, 11, 58, 79, 5	58, 79, 11, 2, 3, 10
12	65, 12, 4, 13, 32	12 = MORT
13	65, 12, 4, 13, 9, 27	65, 9, 27, 13, 4
14	37, 14	37, 14
15	16, 15	15, 16
16	16, 15, 20	16, 15, 6
17	17, 4, 23, 18	17, 4, 23, 18
18	18, 5, 27, 57, 17, 22	18, 5, 27, 57, 17
19	70, 19, 58	70, 19, 58
20	20, 30, 16	20, 30
21	21, 42	21, 42
22	23, 22, 18	23, 22
23	17, 23, 22	17, 23, 22
24	24, 29, 28, 48	24, 29, 28, 48
25	25, 26, 31, 30	25, 26, 31, 30
26	25, 26, 31, 30	25, 26, 31, 30
27	32, 33, 27, 18, 13	32, 33, 27, 18, 13
28	24, 29, 28, 30, 38, 72	24, 29, 28, 38, 72
29	24, 29, 28, 31, 81	24, 29, 28, 81
30	42, 40, 28, 30, 45, 20, 52, 25, 26, 31	25, 26, 31, 30, 20, 52
31	25, 26, 31, 30	25, 26, 31, 30, 35, 56
32	32, 33, 27, 12	32, 33, 27
33	32, 33, 27, 45	32, 33, 27, 45
34	34, 35	34, 35, 43
35	50, 35, 31, 34	50, 35, 31, 34
36	36	36
37	37, 14	37, 14, 41
38	1, 38, 28, 39	1, 38, 28, 39
39	68, 84, 39, 38	68, 84, 39, 38
40	40, 74, 41, 44, 30	40, 74, 41
41	41	41, 40, 37
42	21, 42, 30	21, 42
43	55, 76, 43	55, 76, 43, 34
44	44, 40	44
45	33, 7, 45, 30	33, 7, 45

Identifiant	ADHERENCE JOUR 4	ADHERENCE JOUR 5
46	51, 50, 46, 63	51, 50, 46, 63
47	48, 52, 47	48, 52, 47
48	48, 52, 47, 65, 24	48, 52, 47, 24
49	49, 53	49, 53
50	51, 50, 46, 35, 4	51, 50, 46, 35, 4
51	51, 50, 46, 54, 78	51, 50, 46, 78
52	48, 52, 47, 30	48, 52, 47, 30
53	49, 53, 66	49, 53, 66
54	54, 51	54
55	55, 43, 62	55, 43
56	85, 56, 31, 57	85, 56, 31, 57
57	69, 18, 78, 57, 56	69, 18, 78, 57, 56
58	19, 58, 11, 73, 61, 60	19, 58, 11, 73, 61
59	59, 62	59
60	60, 58, 61	60, 61
61	66, 58, 61, 60	66, 58, 61, 60
62	62, 63, 55, 65, 59	62, 63
63	46, 63, 62	46, 63, 62
64	86, 64, 75	86, 64, 75
65	65, 12, 13, 48, 66, 62	65, 13, 66
66	53, 66, 61, 65	53, 66, 61, 65
67	67, 75	67, 75
68	68, 39	68, 39
69	69, 57, 73	69, 57, 73
70	19, 70, 76	19, 70, 73, 76
71	71, 79	71, 79
72	72, 28, 80	72, 28, 80
73	5, 82, 58, 73, 69	5, 82, 58, 73, 70, 87, 69
74	7, 40, 74, 75	7, 40, 74, 75, 86, 87
75	64, 67, 75, 74	64, 67, 75, 74, 81
76	76, 43, 89, 70	76, 43, 70
77	77	77
78	51, 57, 78, 89	51, 57, 78, 89
79	1, 10, 11, 79, 71	1, 10, 11, 79, 71
80	80, 72	80, 72
81	81, 29, 89	81, 29, 75
82	82, 73, 83	82, 73, 83
83	84, 83, 82	84, 83, 82
84	84, 39, 83	84, 39, 83
85	85, 56	85, 56
86	86, 64	86, 64, 74
87	87	87, 89, 73, 74
88	88	88
89	78, 89, 81, 76, 90	78, 89, 90, 87
90	90, 89	90, 89

Nous obtenons donc pour $a(A)$:

$$a(J_2, A) = \{6, 23, 8, 13, 9, 65, 27, 4, 12, 16, 15, 23, 22\}$$

$$a(J_3, A) = \{6, 9, 8, 65, 27, 13, 4, 12, 16, 15, 23, 22\}$$

$$a(J_4, A) = \{6, 8, 9, 5, 65, 12, 4, 13, 27, 16, 15, 22, 23, 18\}$$

$$a(J_5, A) = \{6, 16, 8, 9, 65, 27, 13, 4, 15, 22, 23\}$$

puis, pour $i(A)$:

$$i(J_2, A) = \{6\}$$

$$i(J_3, A) = \emptyset$$

$$i(J_4, A) = \{6\}$$

$$i(J_5, A) = \emptyset$$

Ceci nous mène à obtenir pour les rapports d'adhérence :

$$R_a(J_2, A) = \frac{13}{5}$$

$$R_a(J_3, A) = \frac{12}{5}$$

$$R_a(J_4, A) = \frac{14}{5}$$

$$R_a(J_5, A) = \frac{11}{5}$$

et pour les rapports d'intérieur :

$$R_i(J_2, A) = \frac{1}{5}$$

$$R_i(J_3, A) = 0$$

$$R_i(J_4, A) = \frac{1}{5}$$

$$R_i(J_5, A) = 0$$

D'où le diagramme ci-dessous reportant la position de l'ensemble A dans un système d'axe défini par les rapports d'adhérence et d'intérieur, pour chaque journée :

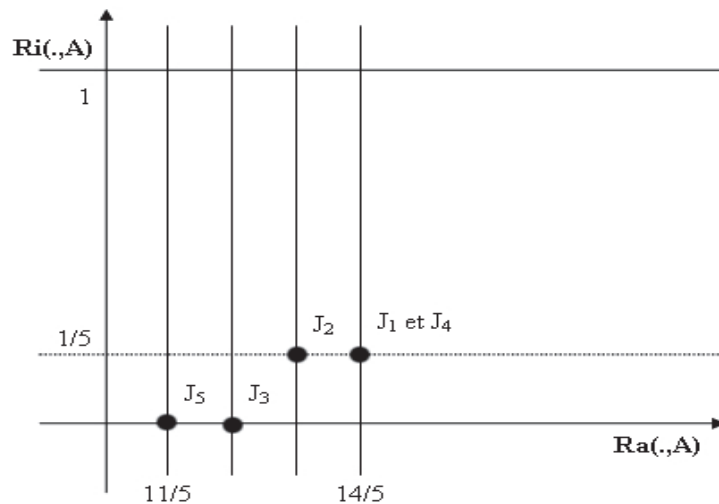


FIGURE 3.14 – Espace des rapports d'adhérence et d'intérieur.

A la fin de cette semaine ouvrée, il ressort une certaine ressemblance des journées en ce qui concerne l'ensemble A considéré. Les agents de A ont tendance à exercer beaucoup d'influence sur les autres agents et à en subir peu.

Le calcul du dérivé de A donne :

$$d(J_2, A) = \{4, 8, 9, 12, 13, 16, 23, 27, 65\}$$

$$d(J_3, A) = \{4, 9, 12, 16, 23, 27, 65\}$$

$$d(J_4, A) = \{4, 5, 9, 12, 16, 18, 23, 27, 65\}$$

$$d(J_5, A) = \{4, 9, 16, 23, 27, 65\}$$

d'où on en déduit sa cohérence :

$$c(J_2, A) = \{8, 13\}$$

$$c(J_3, A) = \emptyset$$

$$c(J_4, A) = \emptyset$$

$$c(J_5, A) = \emptyset$$

ce qui amène aux valeurs ci-dessous pour le paramètre $ds(., A)$:

$$ds(J_2, A) = 3$$

$$ds(J_3, A) = 5 = \text{Card } A.$$

$$ds(J_4, A) = 5 = \text{Card } A.$$

$$ds(J_5, A) = 5 = \text{Card } A.$$

Ces résultats permettent de dire que l'ensemble A n'est constitué que de points isolés, dans A , pour les journées 3, 4 et 5.

l'exemple illustré dans cette expérimentation montre l'avantage qu'il y a à utiliser les concepts prétopologiques pour analyser l'évolution d'un réseau social. Le premier point est que l'on dispose d'une structure formelle, de type topologique, sur l'ensemble des nœuds du réseau, ce qu'on ne peut pas réellement faire avec la théorie des graphes. Le second avantage est qu'il est possible de s'intéresser, en tant que tel, à des ensembles particuliers de nœuds et non pas à des nœuds pris isolément, tout en généralisant des paramètres caractéristiques de la structure du réseau.

3.3.2 Expérience 2 : Analyse de l'impact de mesures prise pour la gestion de crise

L'objectif de cette analyse est de pouvoir anticiper la mise en œuvre de mesures telles que la vaccination, la fermeture des écoles, etc, sur la société.

Pour cela, nous avons considéré la population suivante :

	S	E	I	R	Total
H	1586	0	1	0	1587
P	2	0	0	4	6
E	0	0	0	8	8
Total	1588	0	1	12	1601

TABLE 3.10 – Répartition globale des agents en fonction de leur état de santé

Soient les trois scénarii suivants :

- Aucune prise de mesures.
- Promotion de mesures barrières (port de masques et lavage des mains)
- Promotion de mesures barrières et réduction du transport public

Notre choix s'est porté sur l'ensemble de ces mesures sur les indications d'un spécialiste de la grippe.

Lors de l'épidémie de grippe A(H1N1) en 2009 en France, la promotion de mesures barrières a été mise en place par les décideurs à l'aide des médias. Cependant, à ce jour, aucune étude scientifique n'a fait la preuve de l'efficacité du port des masques. Ainsi, nous avons jugé utile de considérer cette variable seule (scénario 1) afin de mettre en évidence l'impact des mesures barrières sur l'évolution d'une épidémie de grippe.

Pour le scénario 2 et en complément du scénario 1, nous avons sélectionné la mise en place d'une politique de réduction des transports en commun en comparaison avec la vaccination. En effet, comme mentionné dans le chapitre 1, l'étude de Beaujouan et al. [29] démontre que la réduction des transports quotidiens entraîne une réduction de l'évolution de l'épidémie.

La vaccination, à son tour, nécessite une analyse assez approfondie où il faudrait quantifier le pourcentage d'agents à vacciner afin de réduire l'épidémie. Autrement dit, est-il nécessaire de vacciner l'ensemble de la population ? Quel pourcentage adéquat d'enfants et/ou d'adultes faudrait-il vacciner ? Comment choisir la population d'adultes à vacciner prioritairement ? Faudrait-il opter pour une vaccination en fonction de leur taux de contact (basé essentiellement sur la catégorie socio-professionnelle) ? Faut-il imposer la vaccination à l'ensemble du personnel médical et aux décideurs afin de préserver leur capacité à intervenir tout au long de l'épidémie ? Comment organiser la séquence de vaccination des agents concernés ? Cette analyse nécessite une attention particulière et pose des questions pour lesquelles les décideurs ne disposent pas de réponses à ce jour. La gestion faite lors de l'épidémie de grippe en 2009 en France en est l'illustration.

Partant des scénarii ci-dessus, nous avons effectué trois simulations de 100 jours chacune. Nous avons les mettre en œuvre par l'intermédiaire de paramètres que nous avons intégré dans le modèle.

La première simulation ne tient compte d'aucune mesure. Il s'agit d'une simulation dite « normale » où les paramètres retenus sont les suivants :

- Le taux de propagation (TP). Il s'agit du taux de propagation du virus. Plus il est important, et plus le virus sera propagé par les agents.
- Le nombre de jour moyen avant qu'un agent consulte un personnel médical (NbJourAvantConsultation). Cette variable est assez importante puisqu'un agent consulté par un personnel médical sera mis en quarantaine et ne pourra infecter que son entourage.
- Le taux d'agents consultant un personnel médical (TxConsultantPM). En cas de maladie, certains agents ne consultent pas systématiquement un personnel médical d'où l'intérêt de ce paramètre.
- La probabilité qu'un agent emprunte le transport en commun (TC). Ce paramètre varie en fonction du département mais pour cette analyse, nous l'avons figé.
- Le taux de mortalité (TM).
- Le facteur de risque (FR). Plus le niveau de risque de l'agent sain est élevé, plus la probabilité que l'agent contracte le virus augmente lors d'un contact avec un agent infectieux.

Puis, pour chacun des scénarii, les paramètres ont été modifiés au sein du modèle de la manière suivante :

Paramètres	Scénario 0	Scénario 1	Scénario 2
TP	0,7	0,4	0,4
NbJourAvantConsultation	3	3	3
TxConsultantPM	0,8	0,8	0,8
TC	0,7	0,7	0,3
TM	0,003	0,003	0,003
FR	0,05	0,05	0,05

TABLE 3.11 – Valeurs retenues pour chacun des paramètres en fonction du scénario considéré.

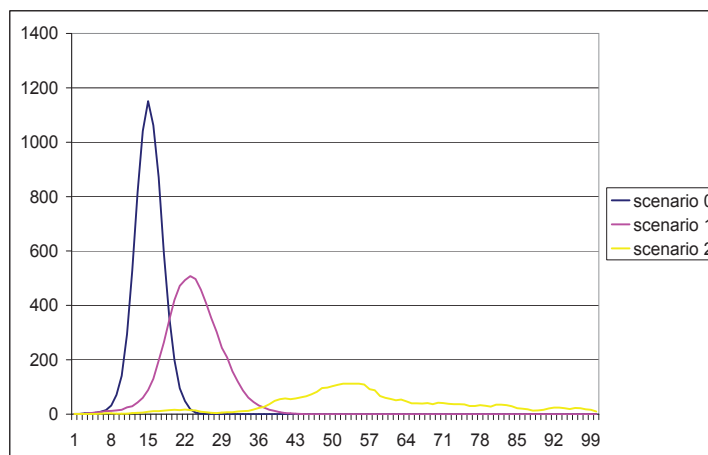


FIGURE 3.15 – Évolution de l'épidémie de grippe.

Le graphique met en évidence que le scénario 2 est préférable aux deux autres. Toutefois, nous pouvons constater que cet ensemble de mesures est à explorer davantage car il peut être intéressant de quantifier le taux de vaccination que ce soit au sein de la population des adultes, des jeunes ou des personnes à risque. D'autre part, nous pouvons constater que le virus reste vivant durant 36 jours avant de se propager. On peut s'interroger sur la mise en place d'autres mesures tout en suivant l'évolution de l'épidémie et le coût relatif à celles-ci.

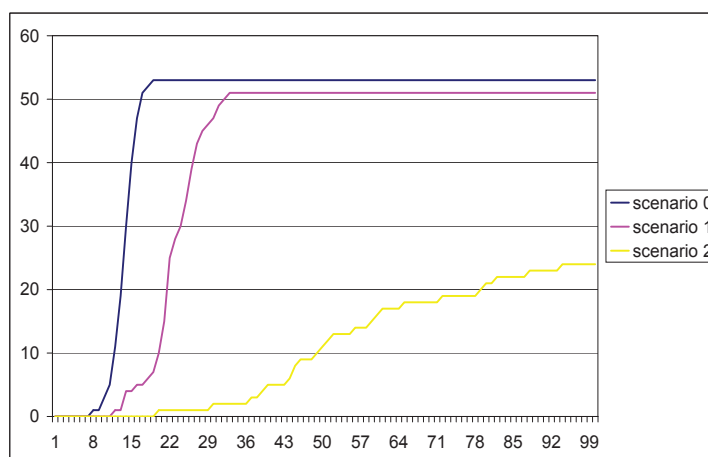


FIGURE 3.16 – Évolution de la mortalité.

En parallèle avec l'évolution de l'épidémie, nous pouvons suivre la mortalité. Elle reste assez faible face à la population considérée, mais tout de même importante pour le scénario 2. Selon le graphique 3.15 le pic épidémique débute vers le 36^{ème} jour et prend fin vers le 64^{ème} jour. Or la mortalité continue à progresser. Ce qui nous conduit à nous interroger sur l'ensemble des mesures mises en application.

A travers cet exemple, nous mettons en exergue la capacité du modèle à tester l'efficacité de mesures potentielles pour un décideur tel un préfet de département.

3.3.3 Expérience 3 : Analyse de l'évolution d'une pandémie par type d'agents

Pour tester notre modèle et analyser ses résultats, nous avons effectué 50 simulations de 100 jours chacune. Une simulation représente l'évolution d'une épidémie de grippe sur une période de trois mois environ.

Pour cela, nous avons considéré une population de 1600 agents répartie de la manière suivante :

- 1586 Habitants Sains dont :
 - 48 bébés (0 - 4 ans)
 - 248 enfants (5 - 14 ans)
 - 1022 adultes (15 - 64 ans)
 - 268 personnes âgées (65 ans et plus)
- 2 Personnels médicaux Sains
- 4 Personnels médicaux Immunisés
- 8 Emplois sensibles Immunisés

soit, pour chacun des départements, les répartitions suivantes :

Ain	S	E	I	R	Total
H	397	0	0	0	397
P	0	0	0	1	1
E	0	0	0	2	2
Total	397	0	0	3	400

TABLE 3.12 – Répartition des agents pour le département de l'Ain.

Isère	S	E	I	R	Total
H	396	0	0	0	396
P	1	0	0	1	2
E	0	0	0	2	2
Total	397	0	0	3	400

TABLE 3.13 – Répartition des agents pour le département de l'Isère.

Loire	S	E	I	R	Total
H	396	0	0	0	396
P	1	0	0	1	2
E	0	0	0	2	2
Total	397	0	0	3	400

TABLE 3.14 – Répartition des agents pour le département de Loire.

Rhône	S	E	I	R	Total
H	397	0	1	0	398
P	0	0	0	1	1
E	0	0	0	2	2
Total	397	0	1	3	401

TABLE 3.15 – Répartition des agents pour le département du Rhône.

Cette répartition de l'âge est conforme à celle considérée en Europe pour les travaux concernant la Grippe.

A cette population, nous avons ajouté 1 habitant infectieux.
Les caractéristiques de cet agent sont les suivantes :

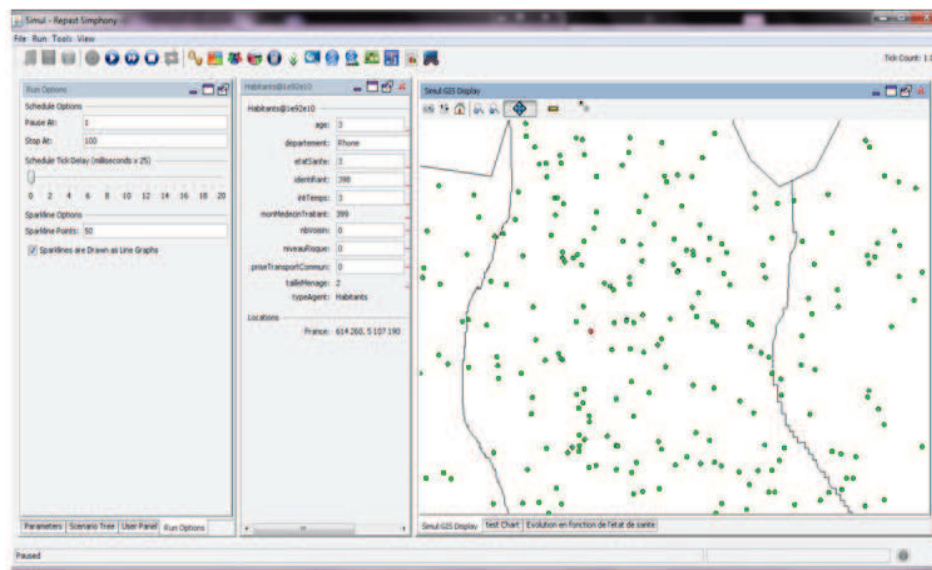


FIGURE 3.17 – Caractéristiques de l’agent infectieux.

Dans notre exemple, il s’agit d’un agent de type individu ordinaire dont l’âge est compris entre 15 et 64 ans (catégorie 3). Il vit dans le département du Rhône, son état de santé est 3 (infectieux), son médecin traitant est le médecin le plus proche de chez lui, son niveau de risque est 0 et la taille de son ménage est 2.

Tous ces agents sont répartis de façon quasiment équitable sur les quatre départements sélectionnés : Ain, Isère, Loire, Rhône.

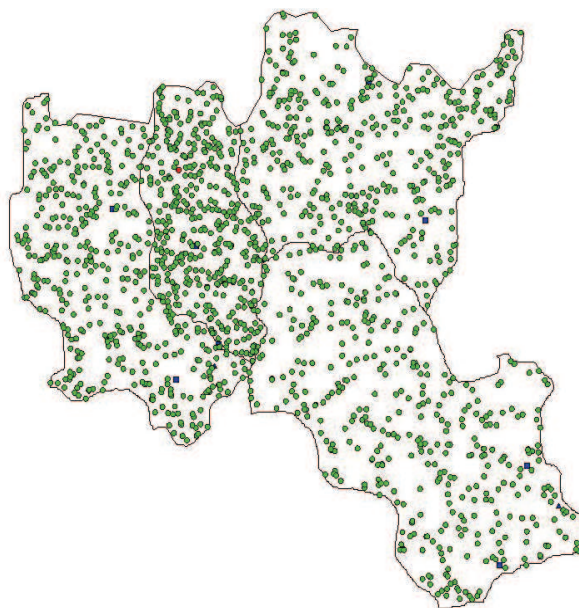


FIGURE 3.18 – Répartition des agents dans les 4 départements.

Tout au long de la simulation, on distingue les divers types d'agents par un symbolisme graphique :

- individu ordinaire : cercle,
- personnel médical : triangle,
- emploi sensible : carré.

De la même manière, les états de santé sont symbolisés par des couleurs :

- S : vert,
- E : orange,
- I : rouge,
- R : bleu.

Pour finir, la relation de ménage est construite de la manière suivante :
Chaque adulte a une probabilité de 50% d'être en couple avec un autre adulte.
Nous affectons aléatoirement aux adultes 0 à 3 enfants (bébé + enfants).

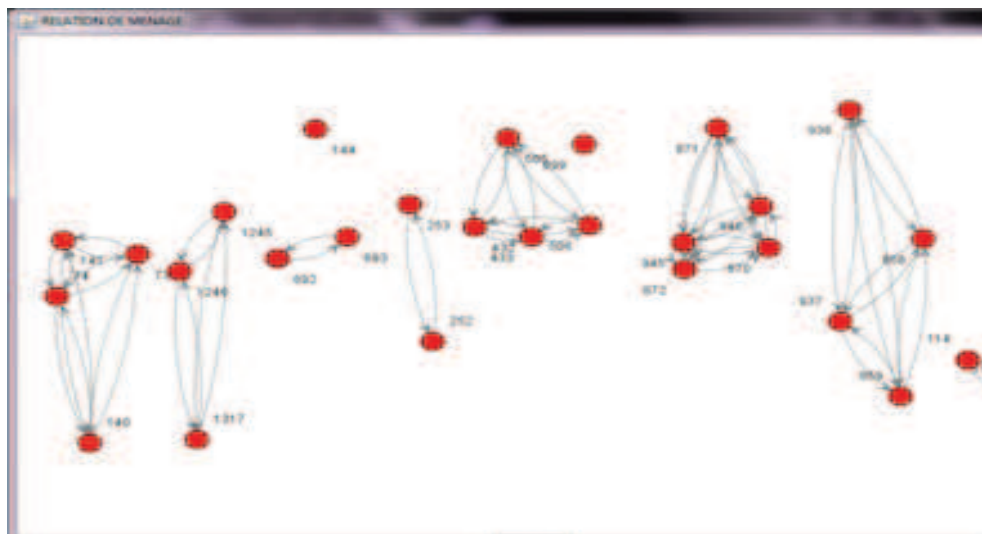


FIGURE 3.19 – Extraction de la relation de ménage.

La répartition des agents ainsi que la relation de ménage sont conservées pour toutes les simulations effectuées dans le cadre de cette analyse.

Par ailleurs, nous avons aussi considéré les paramètres mentionnés dans la figure suivante :

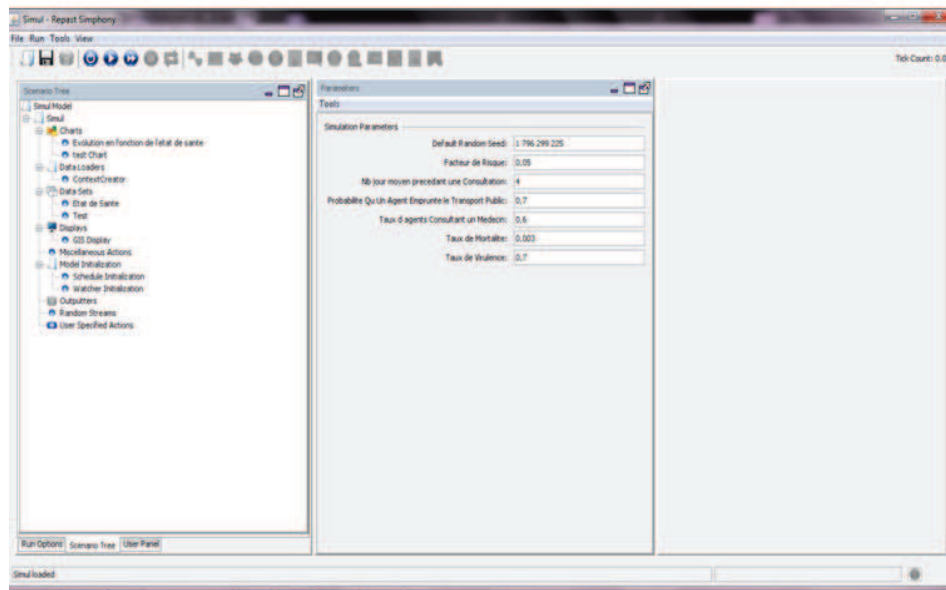


FIGURE 3.20 – Présentation des paramètres retenus.

Le facteur de risque est de 5%, le nombre moyen de jours précédant une consultation médicale est de 4 jours, la probabilité qu'un agent emprunte le transport public (avec contacts) est de 70%, le taux d'agents consultant un médecin est de 60%, le taux de mortalité est de 0,3%, le taux de virulence est de 70%.

Les diagrammes suivants illustrent le déroulement de la simulation proposée.

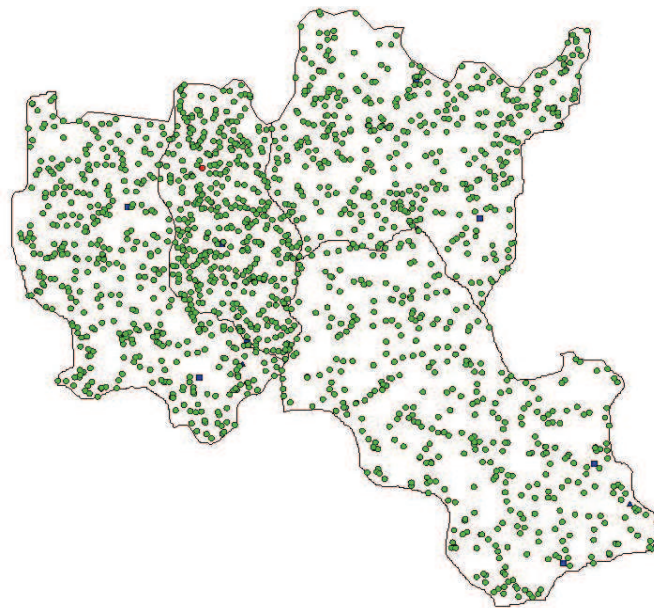


FIGURE 3.21 – Initialisation.

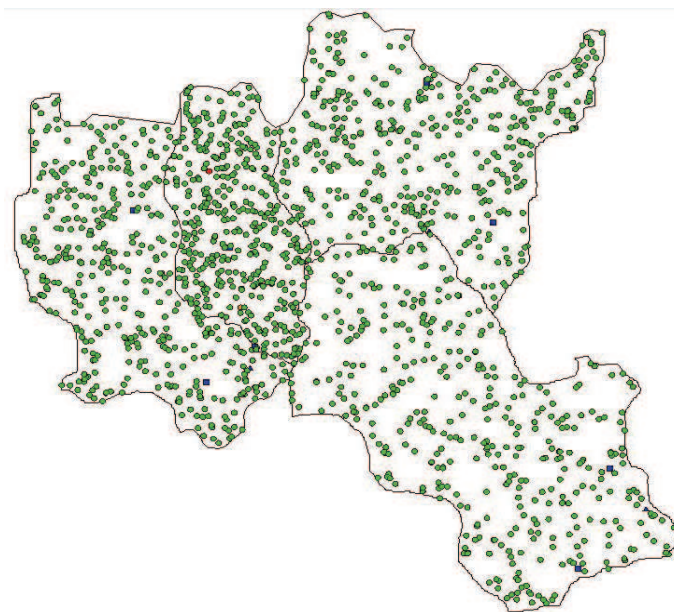


FIGURE 3.22 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 1^{ère} journée.

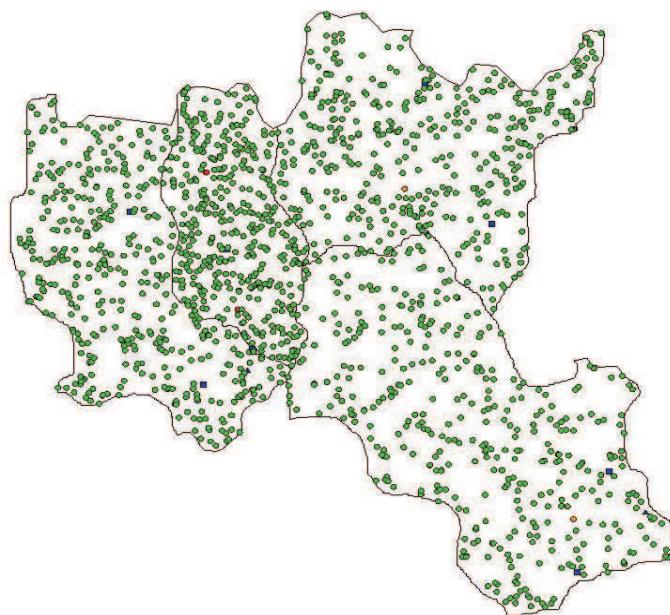


FIGURE 3.23 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 2^{ème} journée.

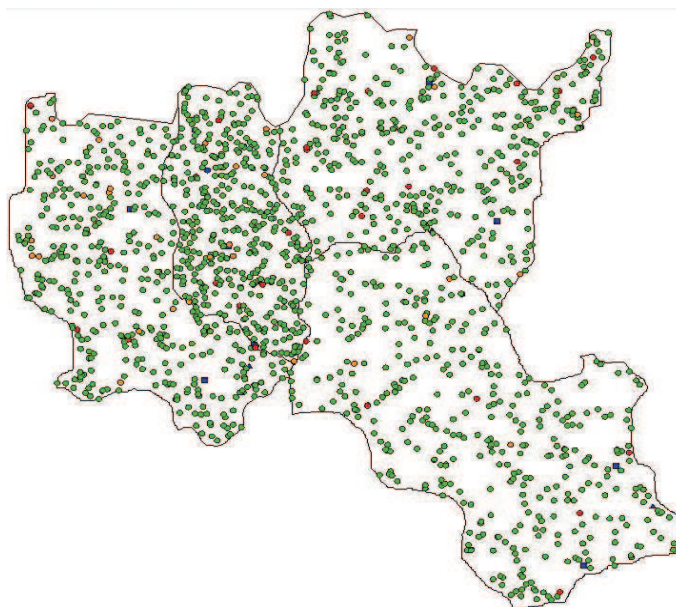


FIGURE 3.24 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 5^{ème} journée.

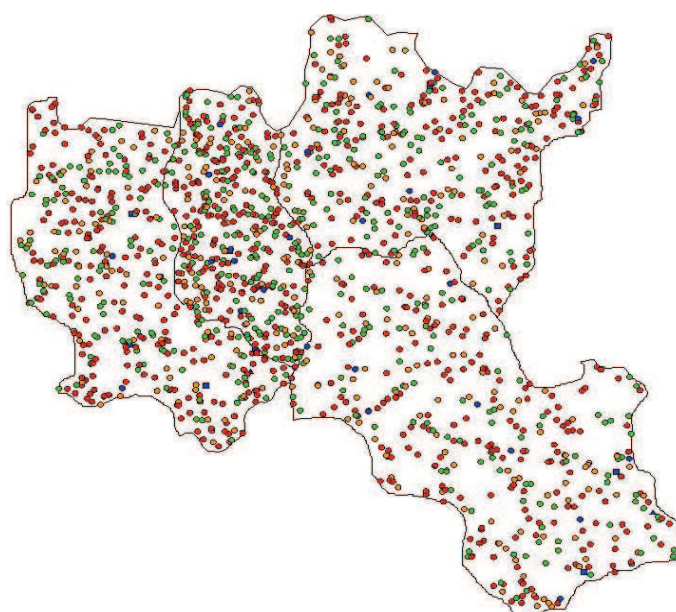


FIGURE 3.25 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 10^{ème} journée.

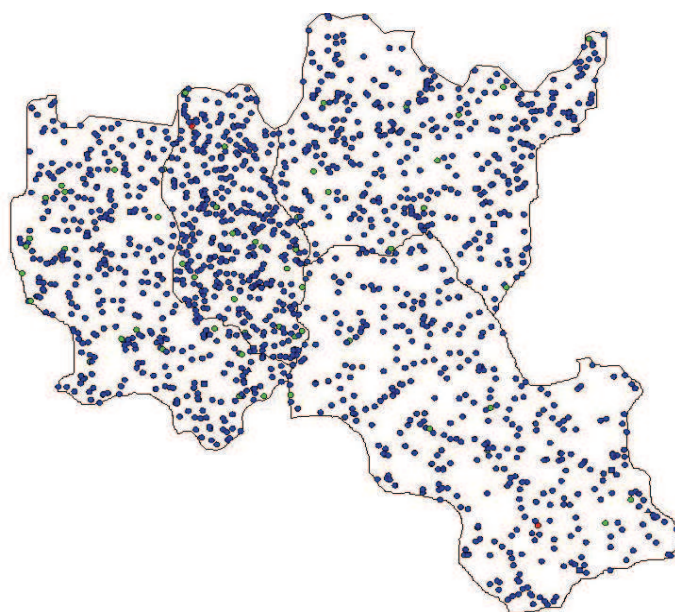


FIGURE 3.26 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 25^{ème} journée.

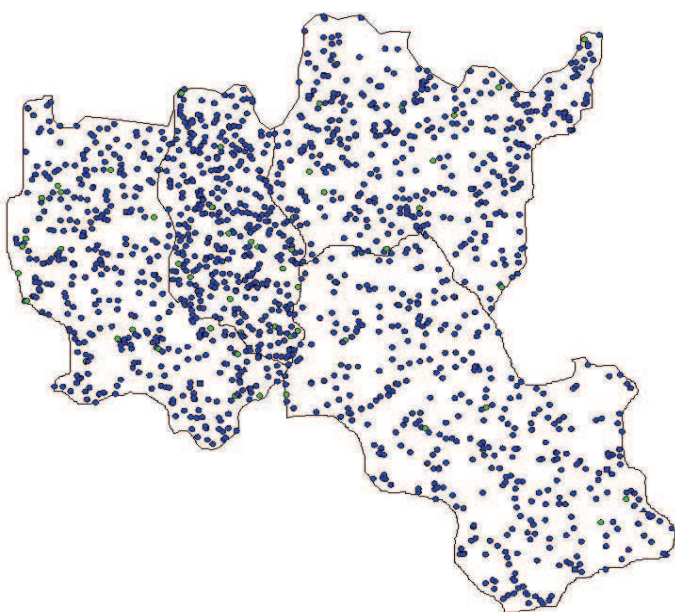


FIGURE 3.27 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 50^{ème} journée.

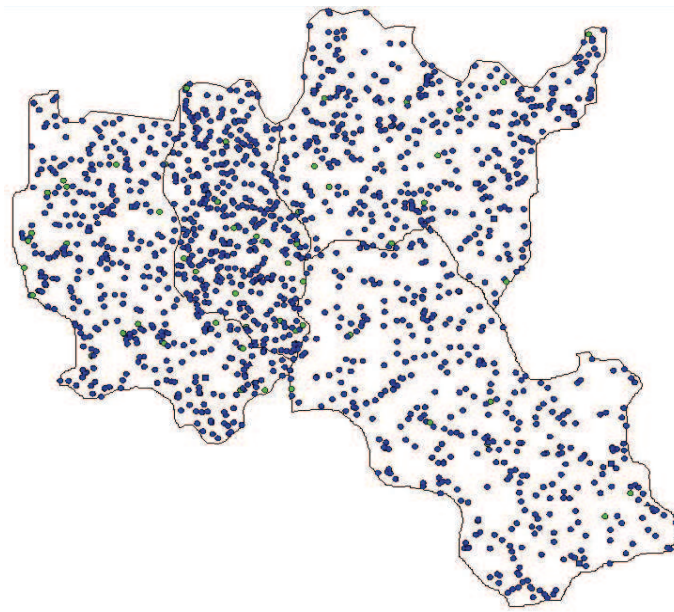


FIGURE 3.28 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 75^{ème} journée.

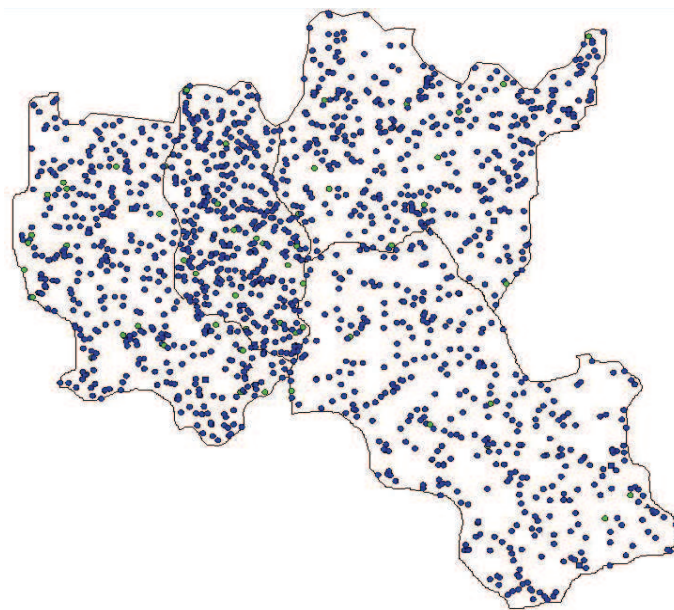


FIGURE 3.29 – État de l'évolution de l'épidémie à la fin de la 100^{ème} journée.

A la fin de l'épidémie, nous pouvons constater que la plupart des individus ont obtenu une immunité pour la souche virale présente durant la période épidémique.

A l'issue des 50 simulations de 100 jours, nous avons effectué la moyenne des individus infectieux pour chacun des départements. Nous obtenons l'évolution suivante :

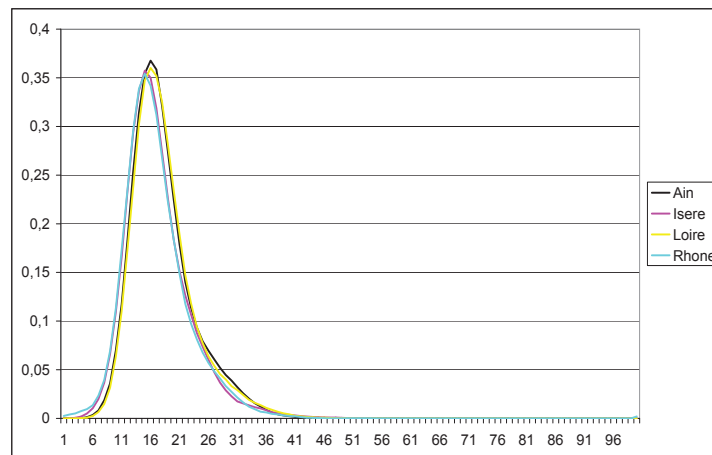


FIGURE 3.30 – Évolution des Habitants infectieux par département.

Ce dernier diagramme montre que l'évolution de l'épidémie de grippe est identique quelque soit le département. Le pic épidémique se situe au 15^{eme} jour et environ 35% des habitants sont infectieux.

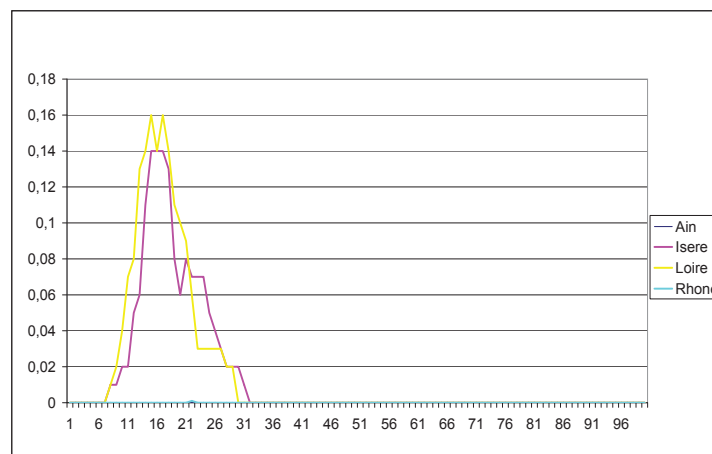


FIGURE 3.31 – Évolution du personnel médical infectieux par département.

Il ressort de ce graphique qu'environ 15% du personnel médical est infectieux entre le 15^{eme} et le 25^{eme} jour.

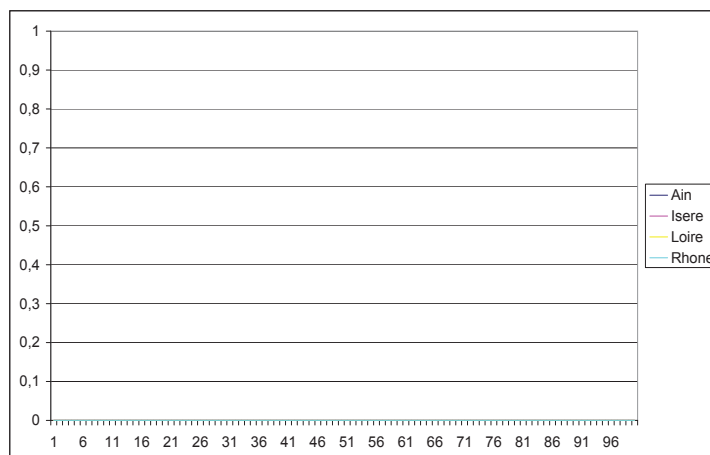


FIGURE 3.32 – Évolution des Emplois sensibles infectieux par département.

Dès le début de l'épidémie de grippe, l'ensemble des emplois sensibles est immunisé.

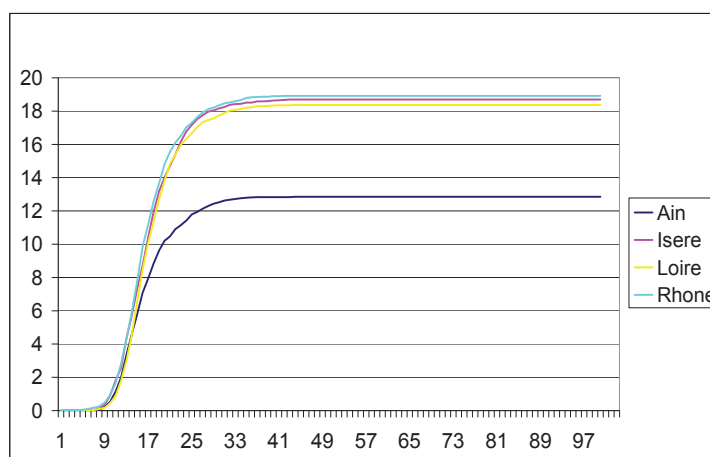


FIGURE 3.33 – État de l'évolution de la mortalité.

La mortalité est donc quasiment identique dans les départements de l'Isère, Loire et le Rhône. Elle est un peu plus faible dans le département de l'Ain. La mortalité qui représente environ 3,25% des agents résidant dans le département de l'Ain et 4,5% pour les autres départements reste dans l'ensemble assez faible.

De cette analyse comparant les différents types d'agents par département, nous pouvons constater qu'il n'y a pas de différence particulière entre les résultats obtenus pour chacun des départements. Cependant, il est nécessaire de préciser que nous avons constitué les agents dans chacun des départements de manière quasiment identique. Or, dans le monde réel, il existe des différences significatives comme la densité, facteur non négligeable dans le cas d'une épidémie de grippe. La prise en compte de ces types de variables dans le modèle nécessite l'établissement d'une base de données. Cette base de données sera construite très prochainement afin de valider notre modèle sur des données réelles.

Concernant les différents types d'agents, nous mettons l'accent sur l'état de santé du personnel médical. C'est pourquoi nous avons opté pour l'immunisation de tous les agents de type emplois sensibles.

Nous pouvons constater que deux tiers du personnel médical est immunisé avant le début de l'épidémie. Cela a pour effet de limiter la propagation du virus et de préserver leur activité durant la période épidémique mais le tiers restant devient tout de même infectieux.

Actuellement, notre modèle ne permet pas de prendre en considération et donc de mettre en exergue la saturation du service médical. Ce qui reste un élément crucial pour le décideur. C'est pourquoi nous l'intégrerons très prochainement dans le modèle.

Une telle analyse est importante pour un décideur, mais l'un des avantages de ce modèle est de pouvoir suivre l'évolution de l'épidémie par type d'agents et d'y injecter tout au long de la période pandémique des mesures. Le décideur peut donc, en temps réel, voir l'impact de la mesure prise sur chacun des types d'agents.

3.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons intégré la prétopologie stochastique au sein d'un outil de simulation qui couple le SIG et le SMA.

Nous avons effectué diverses analyses qui, rassemblées, fournissent des éléments opportuns aux décideurs politiques tant sur la structure de la population que sur l'impact des mesures prises.

Les résultats obtenus montrent clairement la capacité du modèle à tester et évaluer les mesures pouvant être prises en cas de situation de crises sanitaires liées à une épidémie de grippe.

CONCLUSION GENERALE

Notre travail trouve son origine dans les problèmes posés à une société lors d'une épidémie ou une pandémie virale, telle la pandémie H1N1 vécue à l'hiver dernier. Son objectif a été de poser les premiers éléments de modélisation permettant des simulations de prise de mesures afin d'en évaluer l'impact, le but à atteindre étant de mettre en place un outil d'aide à la décision réellement efficace, fondé sur une « maquette » de la société et de ses comportements. Pour cela, nous avons focalisé notre travail sur deux points : le premier est d'apporter une modélisation de la structure des canaux de diffusion d'un virus, le second de proposer un premier prototype d'outil de simulation.

En ce qui concerne le premier point, nous n'avons pas voulu nous mettre dans une optique épidémiologique, dans la mesure où de nombreux modèles de diffusion existent déjà. Notre propos a été d'étudier les voies ou canaux de diffusion, pas l'expression même de cette diffusion. Pour cela nous avons généralisé l'approche proposée par F. Carrat en posant les bases de la prétopologie stochastique dans le cas discret. Cela nous a amené à prendre en compte une famille de graphes aléatoires définis sur un ensemble fini en lieu et place d'un seul graphe.

La prétopologie stochastique, nous l'avons vu au chapitre 2, permet ainsi de structurer l'ensemble des n -tuplets de cette famille de graphe, à la manière topologique. Nous y voyons déjà deux avantages. Le premier est que l'espace étudié est structuré en fonction des relations existantes entre ses éléments, toutes prises en compte simultanément, d'une manière ou d'une autre. Dans notre travail, compte tenu du contexte, nous avons travaillé avec la prétopologie stochastique faible, mais d'autres types de prétopologies peuvent être envisagées, comme mentionné dans le chapitre 2. Cette approche structurelle nous a également permis de généraliser des coefficients descriptifs des structures que l'on rencontre dans les graphes. Il faut noter que cette généralisation est double : d'une part elle permet de travailler avec une famille de relations binaires et non pas seulement une, d'autre part elle permet d'appliquer le calcul de ces coefficients à des sous-ensembles de points de l'espace, ce que ne font pas les coefficients définis dans le cadre des graphes aléatoires qui portent sur des sommets. Il est cependant vrai qu'il est toujours possible de construire un graphe par regroupement de sommets, mais alors on considère les sommets ainsi construits comme des points et non plus comme des ensembles de points. Les paramètres que nous avons définis sont assez simples à calculer, et, les exemples présentés montrent la capacité qu'ils ont à caractériser le comportement de ces ensembles vis à vis de la diffusion de l'épidémie, considérés comme des émetteurs/récepteurs potentiels. Par ailleurs, nous avons pu montrer que, sur le plan mathématique, ils sont des variables aléatoires. Il est donc possible d'envisager tout type d'étude statistique basée sur des observations de terrain et

ainsi de capitaliser de l'information à partir d'épisodes épidémiques précédents observés. Bien évidemment, nous n'avons pas épuisé toutes les possibilités offertes par la prétopologie en matière de coefficients caractéristiques d'une structure. Sur ce plan, du travail reste à faire. Il faut souligner également que les premiers résultats de prétopologie stochastique obtenus doivent être prolongés dans deux directions complémentaires. La première est relative à l'aspect « prétopologie ». En effet, une piste de recherche qui nous semble devoir être approfondie est liée aux divers concepts de connexité que propose la théorie générale de la prétopologie : la forte connexité, l'hyper-connexité, l'unilatérale connexité, l'apo-connexité et la (faible) connexité. Toutes ces notions de connexité sont totalement compatibles avec le concept de graphes. Les caractériser dans le cas de la prétopologie stochastique nous paraît tout à fait important par l'information structurelle qu'elles peuvent apporter. En particulier, nous savons que ces notions sont fortement liées à des notions de séparabilité dans les espaces prétopologiques. Or, il nous semble évident que ces notions de séparabilité, dans le cas traité de la diffusion d'épidémies, sont porteuses de beaucoup d'information utile pour une prise de décision.

Il faut noter également que la prétopologie faible est de type \mathcal{V}_D sur un ensemble fini donc de type \mathcal{V}_S . Ceci implique que les calculs à effectuer pour déterminer l'adhérence d'une partie quelconque se résument au calcul de l'adhérence des singletons de cette partie. Nous sommes donc dans le cas d'une complexité de calcul d'ordre n lorsque l'ensemble étudié possède n éléments. Il n'en sera pas le cas lorsque nous étudierons d'autres types de prétopologie qui ne seront que de type \mathcal{V} (le cas de la prétopologie forte), et nous serons alors confronté à une complexité plus grande. Cela justifie donc de réfléchir à des procédures algorithmiques optimisées capables de mener à bien les calculs, même lorsque n est grand. Ce travail a déjà été entamé par des collègues, à travers le développement de la première version de la librairie logicielle Pretopolib.

La seconde direction de recherche prolongeant notre travail concerne l'aspect statistique. En effet, nous manipulons des ensembles finis et nous avons vu comment il est possible de définir un concept d'espérance mathématique et des concepts de dispersion au chapitre 2. Il est bien évident que cela ne suffit pas et qu'il est nécessaire d'aller plus loin et de développer une véritable statistique des ensembles aléatoires. Les travaux déjà menés dans ce domaine font surgir une difficulté inexistante quand on travaille avec des variables aléatoires : la nature « topologique » de l'ensemble. Dans le cas des ensembles finis, le cas que nous traitons, le problème est plus simple et définir des concepts liés à l'estimation de paramètres ainsi que des concepts mettant en place une théorie des tests nous paraît un objectif atteignable dans un avenir proche. En revanche, dans le cas d'ensembles continus, les choses se corsent et sur le strict plan probabiliste, les travaux existants fournissent des résultats lorsque les ensembles en questions sont soit des fermés, soit des compacts soit des compacts convexes d'un espace vectoriel topologique possédant un nombre minimum de propriétés (espace de type \mathbb{R}^n). Le chemin à parcourir nous semble plus long, d'autant que la complexité calculatoire semble importante.

La seconde partie de notre travail a consisté à proposer un prototype d'outil logiciel permettant d'implémenter la modélisation prétopologique comme modélisation du réseau social sous-jacent à l'ensemble étudié, ainsi que d'apporter des fonctionnalités pour simuler la diffusion d'une épidémie et tester l'impact de mesures d'action. Pour cela, nous avons construit

notre prototype sur un modèle de système multi-agents dans lequel est intégré le modèle prétopologique. Pour les développements futurs, nous avons conçu notre outil de manière telle qu'il puisse exploiter l'information fournie par un système d'information géographique. Ce prototype nous a permis de tester le calcul des coefficients prétopologiques, de mettre en évidence l'impact sur l'épidémie de mesures simples telles que le lavage de mains, le port de masques et l'entrave à la circulation de transports en commun et, également, de voir l'impact de mesures de protections de catégories d'individus particulières à protéger (personnels de santé, salariés de secteurs sensibles comme l'énergie, la sécurité).

Nous avons bien conscience que cet outil n'est qu'un prototype expérimental et qu'il ne permet de montrer que la pertinence de l'approche. Pour obtenir un outil réellement opérationnel, capable de traiter un grand volume de données, il sera nécessaire de revoir la démarche de développement.

En effet, il faudrait pouvoir obtenir un outil capable de traiter les données d'une maquette de la société à une échelle suffisante pour détecter ce que les spécialistes de la gestion de risque appellent les signaux faibles. Une maquette au centième représenterait une population de 600000 agents environ. On conçoit bien que les méthodes, techniques et moyens à mettre en œuvre pour gérer une telle maquette sont importants. La réflexion méthodologique à mener ici relève, selon nous, des problématiques de l'informatique distribuée et du calcul haute performance.

Qui plus est, il faut bien concevoir qu'un tel outil devra être nourri d'un nombre important de données, régulièrement mises à jour. Si nous avons à proposer une démarche de travail, nous proposerions un plan en huit points :

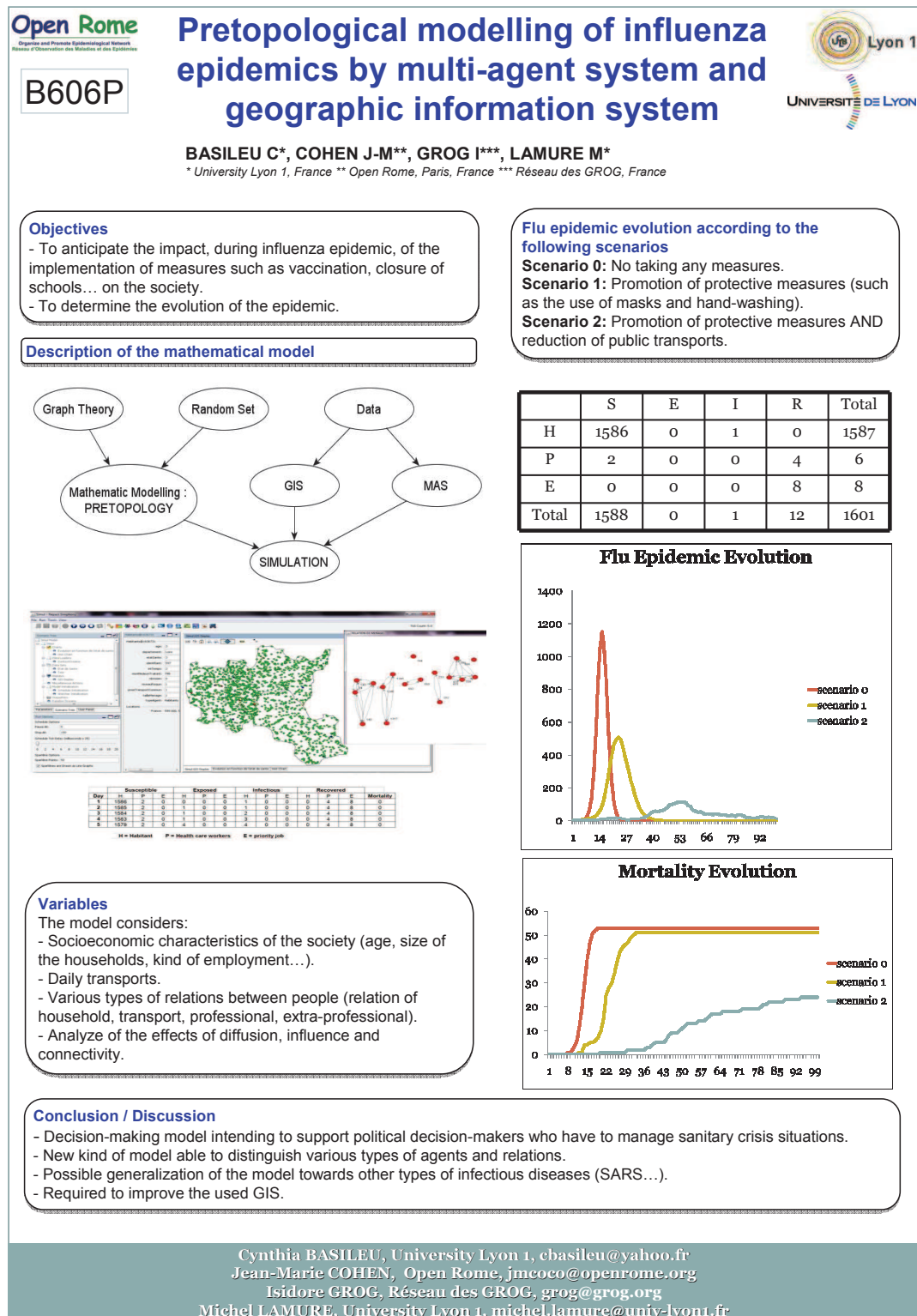
1. détection de toutes les données nécessaires,
2. collecte de ces données,
3. construction du schéma conceptuel de la base de données du système d'information géographique,
4. mise en place de cette base et son renseignement,
5. conception du système multi-agent à développer,
6. optimisation des algorithmes de calcul prétopologique,
7. développement de l'outil logiciel selon les méthodes et outils de l'informatique distribuée et du calcul haute performance,
8. test du résultat obtenu.

Bien évidemment, ces huit points ne doivent pas nécessairement être étudiés en séquence et un certain parallélisme peut être envisagé. Mais, on le voit, il s'agit d'un travail considérable

qui, cependant, peut aboutir à un outil d'aide à la décision particulièrement efficace, car fondé sur une approche capable de capter une réalité au plus près.

LISTE DES PUBLICATIONS

- ESWI 2011 : Cynthia Basileu, Jean-Marie Cohen, Isidore GROG, Michel Lamure. Pre-topological modelling of influenza epidemics by multi-agent system and geographic information system, 4th Influenza Conference of European Scientific Working group on Influenza (ESWI'11), Malte, September 2011.
- ESSA 2011 : Cynthia Basileu, Nadia Kabachi, Michel Lamure. Towards an intelligent system for decision-making in pandemic case, the seventh Conference of European Social Simulation Association (ESSA'11), Montpellier, France, September 2011.
- RIVF 2010 : Cynthia Basileu, Michel Lamure, Soufian Ben Amor, Marc Bui. Quasipseudometric spaces and topological properties, 8th IEEE International Conference of Research, Innovation and Vision of the Future, (RIVF'10), IEEE CS, pp. 230-235, Hanoi, Vietnam, November 2010.
- VSST 2010 : Cynthia Basileu, Ahmed Bounekkar, Nadia Kabachi, Michel Lamure. Vers un modèle de diffusion spatiale d'une pandémie, 4^{ème} Colloque international de Veille Stratégique Scientifique et Technologique (VSST 2010), Toulouse, France, Octobre 2010.
- EGC 2010 : Cynthia Basileu, Sofian Ben Amor, Marc Bui, Ahmed Bounekkar, Nadia Kabachi, Michel Lamure et Mondher Toumi. Stochastic networks. 10^{ème} journées francophones « Extraction et Gestion des Connaissances » (EGC 2010), Hammamet, Tunisie, Janvier 2010.
- ICSSHC 2008 : C. Basileu, A. Bounekkar, N. Kabachi, M. Lamure, J-M Pingeon, D. Roy. Modèle de diffusion spatiale de pandémie basé sur les flux migratoires quotidiens. Proceedings of the ninth International Conference on System Science in Health Care (ICSSHC 2008). Lyon, 3-5 septembre 2008.
- CALASS 2007 : C. Basileu, L. Lamarsalle, M. Lamure, A. Vainchtock. Analyse statistique de données de chainage à partir du PMSI. Congrès de l'Association Latine d'Analyse des Systèmes de Santé (CALASS'07), Marseille, France, Octobre 2007.



Bibliographie

- [1] A combined study group. *Some aspects of the recent epidemic of influenza in Dundee*. Br Med J., vol. 1, p. 908-913, 1958.
- [2] Abouaïssa H., Nicolas J-C., Benasser A., Czesnalowicz E. *Modélisation et évaluation de performances d'une plate-forme multi-modale : approche formelle basée sur les systèmes multi-agents et les réseaux de Pétri*. 4^{ème} rencontre internationale de la recherche en logistique, Lisbonne, Portugal, octobre 2002.
- [3] Albert R., Barabási A.L. *Emergence of scaling in random networks*. Science, vol. 286, p. 509-512, 1999.
- [4] Amaral L.A.N., Scala A., Barthélémy M., Stanley H.E. *Classes of small-world networks*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, vol. 97, p. 11149-11152, 2000.
- [5] Amblard F. *Modélisation multi-agents de réseaux sociaux*. Rapport de stage de maîtrise informatique, université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand, 1998.
- [6] Anderson R.M. et May R.M. *Population Biology of infectious diseases*. part I, Nature 280, p. 361-367, 1979.
- [7] Anderson R.M. et May R. M. *Infectious diseases of humans : dynamics and control*. New York : Oxford University Press, 1991.
- [8] Andriamasinoro F., Courdier R. *Un modèle dynamique de comportement agent à base de besoins*. Actes des JFIADSMA'01, Montréal, Québec, Canada, Hermès, p. 351-353, novembre 2001.
- [9] Andrieu A-G., Paute J., Glomot L., Jarlier V., Belmin J. *Épidémie de grippe nosocomiale dans un service de gériatrie : Efficacité des mesures de prévention*. Masson, vol. 35, n° 10, CAH1, p. 1419-1426, 2006.
- [10] Angulo J J, Pederneiras C A, Ebner W, Kimura E M et Megale P. *Concepts of diffusion theory and a graphic approach to the description of the epidemic flow of contagious disease*. In Public Health Reports, vol. 95, n° 5, p. 478-485, Septembre-Octobre 1980.
- [11] Ansart S., Caumes E. *Grippe et voyage*. Med. mal. infect., vol. 36, p. 190-195, 2006.
- [12] Appert A. *Propriétés des espaces abstraits les plus généraux. Ensembles ouverts fermés, denses en soi, clairsemés*. Connexion, Hermann et Cie, 1934.
- [13] Appert A. *Propriétés des espaces abstraits les plus généraux. Compacité, séparabilité, transformations et fonctionnelles*. Hermann et Cie, 1934.
- [14] Arino J., Davis J., Hartley D., Jordan R., Miller J., Van der Driessche P. *A multi-species epidemic model with spatial dynamics*. 2005, <http://www.math.mcmaster.ca/arino/papers/ADHJMvdD.pdf>

- [15] Auray J. *Éléments de prétopologie*, Document de travail n° 8 (52 pages), 1978.
- [16] Auray J., Brissaud M., Duru G. *Connexité des espaces préférenciés*. Cahiers CERO, 1978 ; Coll. Math. Discrètes : Codes et Hypergraphes, Vol. 20, p. 3-4.
- [17] Auray J., Brissaud M., Duru G. *Les apports de la prétopologie*. 112^{ème} Congrès national des sociétés savantes, 1987 ; Sciences fasc. IV, p. 15-29.
- [18] Bah A., Canal R., d'Aquino P., Bousquet F. *Les systèmes multi-agents génétiques pour l'étude de la mobilité pastorale intertropicale sèche*. Actes du colloque Modèles et systèmes multi-agents pour la gestion de l'environnement et des territoires, Clermont-Ferrand, octobre 1998.
- [19] Barabási A.L., Albert R., Jeong H., Bianconi G. *Power-law distribution of the world wide web*. in Science, 287 : 2115a, <http://www.nd.edu/networks/comments.pdf>, 2000.
- [20] Barabási A.L. *Linked : The New Science of Networks*. Perseus Publishing, p. 256, 2002.
- [21] Barabási A.L. et Bonabeau E. *Réseaux invariants d'échelle*. Pour le science 314, décembre 2003.
- [22] Barrat A., Weigt M. *On the properties of small world network models*. European Physical Journal B, vol. 13, n° 3, p. 547-560, 2000.
- [23] Barrat A., Barthelemy M., Vespigniani A. *Dynamics on complex networks*. Cambridge university press, 2008.
- [24] Barret C. et al. *TRANSIMS : Transportation Analysis Simulation System*. Technical Report LAUR-00-1725, Los Alamos Laboratory, 2000.
- [25] Barreto M-L. *The Dot Map as an epidemiological tool : A case study of Schistosoma mansoni infection in an urban setting*. International Journal of Epidemiology, vol. 22, n° 4, p. 731-741, 1993.
- [26] Barthelemy M. *Epidémies mondiales : l'avion, clé de la propagation*. CEA Techno, n° 86, 2007.
- [27] Bartlett M.S. *The critical community size for measles in United States*. J.R. Stat. Soc. A 123, p. 37-44, 1960.
- [28] Bayoumi H. *Contribution à la modélisation et à la simulation des dynamiques socio-spatiales : phénomènes complexes en géographie, le cas de l'Égypte*. Thèse en informatique, École pratique des hautes études, juin 2010.
- [29] Beaujouan L., Brun-Ney D., Chéron G., Joubert P., Midan S., Camphin P. *L'épidémie de bronchiolite en île-de-France en 2005, 2006 et 2007 : impact des vacances scolaires et de la grève des transports sur le recours aux urgences*. Journal Europeen des Urgences, vol. 21, numéro S1, p. A74-A75, mars 2008.
- [30] Bellamine - Ben Saoud N., Darcy S. et al. *Simulation multi-agents de situation de secours d'urgence*, 2002.
- [31] Belmandt Z. *Manuel de prétopologie*. Hermès, 1993.
- [32] Ben Amor S. *Percolation, prétopologie et multialéatoires, contributions à la modélisation des systèmes complexes : exemple du contrôle aérien*. LaISC - Ecole Pratique des Hautes Etudes, Juin 2008.

- [33] Ben Amor S., Bonnevey S., Bui M., Lamure M. *Un modèle prétopologique stochastique pour la simulation de la pollution aérienne urbaine*. 9th international conference on system science in health care (ICSSHC), September 2008, Lyon.
- [34] Benamirouche R. *Intégration du système d'information géographique comme tableau de bord en santé*. Revue d'Epidémiologie et de Santé Publique, vol. 58, n° S1, p. 28, avril 2010.
- [35] Bernoulli D. *Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole et des avantages de l'inoculation pour la prévenir*. Histoire de l'Académie royale des sciences : mémoires de mathématiques et de physique, p. 1-40, 1766.
- [36] Besancenot J.P. *Maladies infectieuses et climat*. Méd. et mal. infect., vol. 37, n° 1, p. s37-s39, 2007.
- [37] Bjornstad O.N., Finkenstadt B., Grenfell B.T. *Dynamics of measles epidemics : Estimating scaling of transmission rates using a time series SIR model*. In Ecological Monographs, 72, p. 169-184, 2002. <http://www.zoo.cam.ac.uk/zoostaff/grenfell/research/research.htm> (University of Cambridge)
- [38] Boccaro N. *Modeling complex systems*. Springer, 2004.
- [39] Boëlle P.Y. *The perpetuation and epidemic recurrence of communicable diseases in human populations*. Comptes Rendus Biologies, vol. 330, n° 4, p. 356-363, avril 2007.
- [40] Bollobás B., de la Vega W.F. *The diameter of random regular graphs* Combinatorica 2, p. 125-134, 1982.
- [41] Bollobás B. *Random Graphs*. Academic Press, New York, 1985.
- [42] Bonnevey S. *Extraction de caractéristiques de texture par codages des extrema de gris et traitement prétopologique des images*. Université Lyon 1, Octobre 1997.
- [43] Bonnevey S. *Modélisation et simulation pour l'aide à la décision en environnement complexe*. Université Lyon 1, Décembre 2008.
- [44] Bonnevey S. *Pretopological Operators for Gray-level Image Analysis*. Studia Informatica Universalis, Vol. 7, n° 1, p. 175-195, 2009.
- [45] Bouayad M. *Prétopologie et reconnaissance des formes*. Décembre 1998.
- [46] Boukachour H., Cordon A., Durand S., Lesage F. *Conception d'un système multi agents adaptatifs : application à la gestion de crise*. 1998.
- [47] Bourguet R. *Analyse physique et modélisation d'écoulements turbulents instationnaires compressibles autour de surfaces portantes par approches statistiques haute-fidélité et de dimension réduite dans le contexte de l'interaction fluide-structure*. Toulouse, 2008.
- [48] Bousquet F. *Modélisation d'accompagnement. Simulation multi-agents et gestion des ressources naturelles et renouvelables*. Mémoire d'habilitation à diriger des recherches, Université de Lyon 1, 2001.
- [49] Bousquet F., Le Page C., Müller J-P. *Modélisation et simulation multi-agent*. CIRAD
- [50] Braconot P., Marti O. *La modélisation du climat*. Laboratoire des sciences du climat et de l'environnement CEA-CNRS, direction des sciences de la matière, CLEFS CEA, n° 47, p. 16-22, hiver 2002-2003.

- [51] Brankston G., Gitterman L., Hirji Z., Lemieux C., Gardam M. *Transmission of influenza A in human beings*. Lancet Infect Dis, vol. 7, p. 257-265, 2007.
- [52] Brauer F. *La modélisation des épidémies*. 2005.
- [53] Brissaud M. *Les multialéatoires : cours de DEA (1973-1974)*. 1973.
- [54] Brissaud M. *Multialéatoires*. Cours de DEA de Monsieur Marcel Brissaud, 1974.
- [55] Broutin H., Elguera E., Simondon F., Guegan J-F. *Spatial dynamics of pertussis in a small region of Senegal*. In Proceeding of the Royal Society, Lond B., 271, p. 2901-2998, 2004.
- [56] Brownlee A.A. *Modelling the geographic epidemiology of infectious hepatitis*. In Medical Geography : Techniques and Field Studies, N.D. McGlashan (Ed.), p. 279-300, 1972.
- [57] Bruni M. et Steffen R. *Impact of travel-related health impairments*. J. Travel Med., vol. 4, p. 61-64, 1997.
- [58] Carrat F., Luong J., Lao H., Sallé A.-V., Lajaunie C. et Wackernagel H. A 'small-world-like' model for comparing interventions aimed at preventing and controlling influenza pandemics. BMC Medecine, vol. 4, n° 26, 2006.
- [59] Caumes E., Brugker G., Brousse G. et al. *Travel associated illness in 838 french tourists in Nepal in 1984*. Travel Med. Int., vol. 9, p. 72-76, 1991.
- [60] Cech E. Topological spaces, John Wiley and Sons, 1966.
- [61] Charif Y., Sabouret N. *Coordination d'agents introspectifs*. 15^{ème} Journée Francophone sur les Systèmes Multi-Agents, Cépaduès, p. 201-210, 2007.
- [62] Chastel C. *Émergence de virus nouveaux en Asie : les changements climatiques sont-ils en cause ?* Méd. et mal. infect., vol. 34, n° 11, p. 499-505, 2004.
- [63] Chowell G., Hyman J.M., Eubank S. *Analysis of a real world network : The City of Portland*. Technical Report BU-1604-M, Department of Biological Statistics and Computational Biology, Cornell University, 2002.
- [64] Clerc J.P., Giraud G., Roussenq J., Blanc R., Carton J.P., Guyon E., Ottavi H., Stauffer D. *La percolation - modèles, simulations analogiques et numériques*. Annales de Physiques, vol. 8, p. 105, 1983.
- [65] Cliff A.D. et Smallman-Raynor M.R. *War Epidemics : a Geography of Infectious Diseases in Military Conflict and Civil Strife, 1850-2000*. Oxford University Press, p. 800, 2004.
- [66] Cliff A.D., Haggett P. et Smallman-Raynor M.R. *Island Epidemics* Oxford University Press, p. 563, 2000.
- [67] Cohen R., Thollot F., Lecuyer A., Koskas M., Touitou R., Boucherat M., D'Athis P., Corrad F., Pecking M., De La Rocque F. *Impact des tests de diagnostic rapide en ville dans la prise en charge des enfants en période de grippe*. Archives de pédiatrie, vol. 14, n° 7, p. 926-931, 2007.
- [68] Cohuet S, Aït el-Belghiti F, Barboza P, Baudon C, Chérié-Challine L, Degail MA, et al. *Grippe A(H1N1)2009 : les principaux enseignements à l'échelle mondiale après les six premiers mois de la pandémie*. BEHWeb, n° 3, 10 décembre 2009.
- [69] Coles FB, Balzano GJ, Morse DL. *An outbreak of influenza A (H3N2) in a well immunized nursing home population*. J Am Geriatr Soc., vol. 40, p. 589-592, 1992.

- [70] Colizza V., Barrat A., Barthelemy M., Vespignani A. *The role of the airline transportation network in the prediction and predictability of global epidemics*. PNAS, vol. 103, n° 7, p. 2015-2020, 14 février 2006a.
- [71] Colizza V., Barrat A., Barthelemy M., Valleron A.J. et Vespignani A. *Modeling the world-wide spread of pandemic influenza : Baseline case and containment interventions*. PLoS Medicine, vol. 4, n° 1 : e13, 2007.
- [72] Cooke K.L. et Van Den Driessche P. *Analysis of an SEIRS epidemic model with two delays*. J. Math. Biol., vol. 35, n° 2, p. 240-260, 1996.
- [73] Coquillard P., Hill D. *Modélisation et simulation d'écosystèmes*. Masson, 1997.
- [74] Dalud-Vincent M., Brissaud M., Lamure M. *Closed sets and closures in pretopology*. International Journal of Applied Mathematics, 2007.
- [75] Daude E., Eliot E. *Exploration de l'effet des types de mobilités sur la diffusion des épidémies*. 7^{ème} Rencontres Theoquant, « Nouvelles approches en géographie théorique et quantitative », actes publiés, édition électronique, 2005.
- [76] Daude E., Eliot E. *Integrating Mobility to Model the Spatial Diffusion of Epidemics : a Theoretical Approach*. 11th International Medical Geography Symposium, FortWorth, Texas, USA, 5-9 July 2005b.
- [77] Daull B. Editorial in Génie Urbain, n° 397, p.3, CDU, mai 1993.
- [78] Dautun C. *Organisation de la gestion de crise : les secours face à une crise de grande ampleur*. Thèse professionnelle, 2004.
- [79] Degenne A et Forsé M. *Les réseaux sociaux*. Paris, Armand Colin, 1994.
- [80] Demazeau Y. *From Interactions to Collective Behaviour in Agent-Based Systems*. Proceeding of the First European Conference on Cognitive Science, Saint- Malo, p. 117-132, 1995.
- [81] Demazeau Y., Ferber J. *Introduction to Multiagent Systems*. ICMAS'98 Tutorial, 1998.
- [82] Desenclos J.C. *Emergence et maladies infectieuses*. Département des maladies infectieuses, Institut de Veille Sanitaire, Saint-Maurice, France, 2001.
- [83] Desenclos J.C. *La transmission aérienne des agents infectieux*. Méd. et mal. infect., vol. 38, n° 8, p. 449-451, août 2008.
- [84] Desjobert J., Champavere J. *Influence d'un profil d'un agent/joueur dans un jeu coopératif*. Rapport de TER, Université de Lyon 1, 2005.
- [85] Dibble C. *The GeoGraph 3D Computational Laboratory : Network and Terrain Landscapes for RePast*. In Journal of Artificial Societies and Social Simulation, vol. 7, n° 1, 2004. [http ://jasss.soc.surrey.ac.uk/7/1/7.html](http://jasss.soc.surrey.ac.uk/7/1/7.html)
- [86] DoE. *Handling Geographic information*. Report to the Secretary of State for the Environment of the Committee of enquiry into the Handling of Geographic information, Chairman Lord Chorley, HMSO, Londres, 1987.
- [87] Dorogovtsev S.N., Mendes J.F.F. et Samukhin A.N. *Principles of statistical mechanics of random networks* Preprint 0204111, 2002.

- [88] Doyle A., Bonmarin I., Levy-Bruhl D., Strat Y.L. et Desenclos J.C. *Influenza pandemic preparedness in France : modelling the impact of interventions*. J. Epidemiol. Community Health, vol. 60, n° 5, p. 399-404, 2006.
- [89] Duru G. *Nouveaux éléments de prétopologie* Document de travail n° 19 (55 pages), Faculté de Droit et des Sciences économiques de Besançon, 1977.
- [90] Egéa M. *Prétopologies floues*. Studia Informatica Universalis, vol. 7.1, p.131-171, 2009.
- [91] Eliot E. *Eléments et propositions pour une géographie du VIH / SIDA en Inde*. In Espace, Populations et Sociétés, « maladies émergentes et reviviscentes », 2, p. 179-194, 2000a.
- [92] Eliot E. *La diffusion du VIH en Inde : test d'un modèle de gravitation*. In L'Espace Géographique, 29 (3), p. 255-262, 2000 b.
- [93] Eliot E., Daudé E. *Diffusion des épidémies et complexités géographiques : perspectives conceptuelles et méthodologiques* Espace, populations, sociétés, vol. 2, n° 3, p. 403-416, 2006.
- [94] Enembreck F. et Paul Barthès J. *MAIS - Un système multi-agent pour la recherche d'informations sur le web*. Document numérique, vol. 8, p. 83-106, 2004.
- [95] Epstein J.M., Goedecke D.M., Yu F., Morris R.J., Wagener D.K. et Bobashev G.V. *Controlling Pandemic Flu : The Value of International Air Travel Restrictions*. PLoS ONE, vol. 2, n° 5 : e401, 2007.
- [96] Erdős P., Rényi A. *On random graphs*. Publicationes Mathematicae, vol. 6, p. 290-297, 1959.
- [97] Eubank S., Guclu H. et al. *Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks*. Nature, n° 429, p. 180-184, 2004.
- [98] Fell, D.A. and Wagner A. *The small world of metabolism*. Nature Biotechnology, vol. 18, p. 1121-1122, 2000.
- [99] Ferber J. *Les systèmes multi-agents, vers une intelligence collective*. InterEditions, Paris, 1995.
- [100] Ferber J. *Coopération, intention et interaction. Une réponse à la « pelouse fourmilière » de Brassac et Pesty*. In IA Distribuée et Systèmes Multi-Agents, 4èmes Journées Francophones sur l'Intelligence Artificielle Distribuée et les Systèmes Multi-Agents (JFIAD-SMA'96), Le Grau du Roi, AFCET, AFIA, Müller, Quinqueton, (eds), Hermes, p. 273-280, 1996.
- [101] Ferber J. et Gutknecht O. *Aalaadin : A meta-model for the analysis and design of organizations in multi-agent systems*. ICMAS'98.
- [102] Ferguson N M, Fraser C, Donnelly CA, Ghani AC, Anderson RM. *Public health risk from the avian H5N1 influenza epidemic*. In Public Health, vol. 304(5673), p. 968-969, 14 Mai 2004.
- [103] Ferguson N.M. et al. *Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia*. Nature, vol. 437, n° 7056, p. 209-214, 2005.
- [104] Ferguson N.M. et al. *Strategies for mitigating an influenza pandemic*. Nature, vol. 26, 2006.

- [105] Ferrand N. Modèles multi-agents pour l'aide à la décision et la négociation en aménagement du territoire. Doctorat en informatique, Université Joseph Fourier de Grenoble, 1997.
- [106] Flahault A., Vergu E., Boëlle P.Y. *Potential for a global dynamic of Influenza A (H1N1)*. BMC Infectious Diseases, vol. 9, n° 129, 2009.
- [107] Fournillier J-M. *Problématique des villes françaises en matière de banques de données urbaines*. Actes du séminaire CNIG/AFI3G, Paris, p. 22-23, déc. 1989.
- [108] Fraigniaud P., Gavoille C., Paul C.. *Eclecticism shrinks even small worlds*. In Proceedings of the 23rd annual symposium on principles of distributed computing, ACM Press, New York, p. 169-178, 2004.
- [109] Fraser C. et al. *Pandemic potential of a strain of influenza A (H1N1) : Early findings*. Science, vol. 324, n° 1557, juin 2009.
- [110] Fréchet M. *Les Espaces Abstraits*. Editions Jacque, Hermann, 1928.
- [111] Fréchet M. *L'arithmétique de l'infini*. Hermann et Cie, 1934.
- [112] Fréchet M., Fan K. *Introduction à la topologie combinatoire*. Editions Jacque, Vuibert, 1946.
- [113] Gadafi A. *Infrastructure logicielle pour la construction de plateformes de simulation multi-agent*. Rapport de stage, Institut de recherche en informatique de Toulouse, juin 2008.
- [114] Gaudelus J. *Rougeole : son élimination passe par une amélioration de la couverture vaccinale*. Antibiotiques, vol. 12, n° 1, p. 67-74, 2010.
- [115] Gaume B. *Balades aléatoires dans les petits mondes lexicaux*. in I3 Vol 4, n° 2, 2004.
- [116] Gilbert M., Slingenbergh J., Xiao X. *Climate change and avian influenza*. Rev. sci. tech. off. int. epiz., vol. 27, n° 2, p. 459-466, 2008.
- [117] Gilg A.W. *A study in agricultural disease diffusion : the case of the 1970-71 fowl-pest epidemic*. In Institute of British Geographers, Publications, 59, p. 77-97, 1973.
- [118] Glass R., Glass L.M., Beyeler W.E. et Min J.H. *Targeted social distancing design for pandemic influenza*. Emerg. Infect. Dis., vol. 12, n° 11, 2006.
- [119] Goedecke D.M., Bobashev G.V., Yu F. *A stochastic equation-based model of the value of international air-travel restrictions for controlling pandemic flu*. Presented at Winter Simulation Conference, Washington DC, Décembre 2007.
- [120] Gould P. *The search for spatiotemporal information : predicting the next map of AIDS*. In Systema Terra, 3, p. 24-27, 1994.
- [121] Grenfell B.T. *Chance and chaos in measles dynamics*. Journal of the Royal Statistical Society, serie B, vol. 54, p383-398, 1992.
- [122] Grenfell B.T. et Harwood J. *(Meta)population dynamics of infectious diseases*. Tree 12, p. 395-399, 1997.
- [123] Grenfell B.T., Bjornstad O.N. et Kappey J. *Travelling waves and spatial hierarchies in measles epidemics*. Nature 414, p. 716-723, 2001.

- [124] Guillaume J-L., Latapy M. *Topologie d'Internet et du Web : mesure et modélisation*. Actes du premier colloque Mesures de l'Internet, Nice, France, 2003.
- [125] Gutknecht O. et Ferber J. *The madkit agent platform architecture*. First workshop on infrastructure for scalable multi-agent systems, 2000.
- [126] Habib N.A. et Behrens R.H.. *Respiratory infections in the traveller*. Curr. Opin. Pulm. Med., vol. 6, p. 246-249, 2000.
- [127] Hall C.B., Douglas R.G. *Nosocomial influenza infection as a cause of intercurrent fevers in infants*. Pediatrics, vol. 55, p. 673-677, 1975.
- [128] Hechmati G. *Epidémie de grippe : système d'information pour la prise de décision en santé publique*. Thèse de médecine, 2004.
- [129] Heiderick D. *La gestion de crise à un demi-siècle*. Observatoire International des Crises, Magazine de la communication de crise et sensible, 2008.
- [130] Hethcote Herbert W. et Van Den Driessche P. *An SIS epidemic model with variable population size and a delay*. In Journal of Mathematical Biology, vol. 34, p. 177-194, 1995.
- [131] Hunter J.M. et Young J.C. *Diffusion of influenza in England and Wales*. In annals of the Association of American Geographers, 61, p. 637-653, 1971.
- [132] info' pandémie grippale, online : <http://www.pandemie-grippale.gouv.fr>.
- [133] Jeong H., Tombor B., Albert R., Oltvai Z. N., Barabási A-L. *The large-scale organization of metabolic networks*. Nature, vol. 407, p. 651-654, 2000.
- [134] Jeong H., Mason S.P., Barabási A.-L. et Oltvai Z.N. *Lethality and centrality in protein networks*. Nature, vol. 411, p. 41-42, 3 May 2001.
- [135] Jiao J., Chen L. et Cai S. *An SEIRS epidemic model with two delays and pulse vaccination*. Journal of Systems Science and Complexity, vol. 21, n° 2, p. 217-225, 2008.
- [136] Junius H., Tabeling M. et Wegner M. *Germany : a federal approach to land information management*. I. Masser et F. Salge (Eds), GIS Diffusion - The adoption and use of geographical information systems in local government in Europe. GISDATA 3. Taylor et Francis, London, p. 67-85, 1996.
- [137] Kalapala V.K., Sanwalani V., Moore C. *The structure of the United States road network*. Preprint, University of New Mexico, 2003.
- [138] Keith C., Clarke P., Sara L., Mc Lafferty D., et Barbara J-T. *On epidemiology and geographic information systems : a review and discussion of future directions*. Emerging Infection Diseases, vol. 2, n° 2, p. 85-92, 1996.
- [139] Kleinberg J. *The Small-World Phenomenon : An Algorithmic Perspective*. In proceedings of the 32nd ACM Symposium on Theory of computing, 2000.
- [140] Kleinberg J. *Small-World Phenomena and the Dynamics of information*. In Advances in Neural Information Proceeding Systems (NIPS), 14, p.431-438, 2001.
- [141] Kogut B. et Walker G. *Petits mondes et globalisation : une perspective comparative*. Gérer et comprendre, n° 74, décembre 2003.
- [142] Krapivsky P.L., Redner S., Leyvraz F. *Connectivity of growing random networks* Phys. Rev. Lett., vol. 85, p. 4629-4632, 2000.

- [143] Lagadec P. *La gestion des crises*. Ed. Mc Graw-Hill, 1991.
- [144] Lamure M. *Contribution à la théorie de la multiestimation*. Thèse de Doctorat de spécialité mathématiques appliquées, 1978.
- [145] Lamure M. *Espaces abstraits et reconnaissance des formes. Applications au traitement des images digitales*. Université Lyon 1, Novembre 1987.
- [146] Le Bâcle C., Bayeux-Dunglas M.C., Caron V., Charlanne M.A. *Gestion d'une épidémie par un service de santé au travail : exemple de la pandémie grippale*. Archives des Maladies Professionnelles et de l'Environnement, vol. 69, n° 2, p. 341-344, 2008.
- [147] Le Pont F., Flahaut A., Chau N.P., Guiget M., Valleron A-J. *Modélisation mathématiques de diffusion de l'épidémie de SIDA*. Revue de la littérature, rétrovirus, vol. 2, p 107-122, 1989.
- [148] LeeKha S., Zitterkopf N.L., Espy M.J., Smith T.F., Thompson R.L., Sampathkumar P. *Duration of influenza A virus shedding in hospitalized patients and implications for infection control*. Infect Control Hosp Epidemiol, vol. 28, p. 1071-1076, 2007.
- [149] Lemoine J., Gouy-Pailler C., Achard S., Amblard P-O. *Recherche de la connectivité de réseaux complexes. Application en IRMf*. In Proc. GRETSI, Dijon, France, September 2009.
- [150] Lepine P. *Genèse et périodicité des grandes épidémies*. Méd. mal. infect., vol. 1, n° 9, p. 357-368, 1971.
- [151] Levorato V., Bui M. *Data Structures and Algorithms for Pretopology : the Java based software library PretopoLib*, Proceedings of the 8th International Conference on Innovative Internet Community Systems, I. Society, Ed., p. 122-134, 2008.
- [152] Levorato V., Ahat M. *Modélisation de la Dynamique des Réseaux Complexes associée à la Prétopologie*, Proceedings of ROADEF'08, p. 299-300, 2008.
- [153] Li M.Y., Muldowney J.S., Van Den Driessche P. *Global stability of SEIRS models in epidemiology*. Can. Appl. Math. Q., vol. 7, n° 4, p.409-425, 1999.
- [154] Longini Jr. I.M. et al. *Containing pandemic influenza at the source*. Science, vol., 309, n° 5737 , p. 1083-1087, 2005.
- [155] Loytonen M. et Arbona S.I. *Forecasting the AIDS epidemic in Puerto Rico*. In Social Sciences and medicine, 42(7), p. 997-1010, 1996.
- [156] Mallet P., Lions P. *Le système d'information géographique du bassin des risques majeurs de l'estuaire de la seine SIGRIMAS*. 2002.
- [157] Maguire D.J., Goodchild M.F. et Rhind D., Eds. *Geographical Information Systems : Principles and Applications*. Harlow, Longman Scientific and Technical, 1991.
- [158] Martin D. *Geographic information systems and their socioeconomic applications*. Routledge, London, p. 142, 1991.
- [159] May R.M. et Anderson R.M. *Population Biology of infectious diseases*. part II, Nature 280, p. 455-461, 1979.
- [160] Mercklé P. *Les réseaux sociaux, les origines de l'analyse des réseaux sociaux*. CNED, ens-lsh, 2004.

- [161] Miellet P. *France : a historical perspective on GIS diffusion*. I. Masser et F. Salge (Eds), GIS Diffusion - The adoption and use of geographical information systems in local government in Europe. GISDATA 3. Taylor et Francis, London, p. 163-182, 1996.
- [162] Milgram S. *The small-world problem*. Psychology Today, 2, p. 60-67, 1967.
- [163] Miller J.M., T.W.S. Tam and S. Maloney et al. *Cruise ships : high-risk passengers and the global spread of new influenza viruses*. Clin. Infect. Dis., vol. 31, p. 433-438, 2001.
- [164] Minsky M. *Matter, Mind and Models*. Proceedings of IFIP Congress, p. 45-49, 1965.
- [165] Mishra B.K et Saini D.K. *SEIRS epidemic model with delay for transmission of malicious objects in computer network*. Applied Mathematics and Computation, vol. 188, n° 2, p. 1476-1482, 2007.
- [166] Momas I. *Épidémiologie et environnement*. Revue Française des Laboratoires, vol. 2001, n° 336, p. 53-58, octobre 2001.
- [167] Mongeat A., Delettre D., Beaufrère M.C., Schikowski D., Beytout J. *La gestion d'une épidémie de rougeole dans le département de l'allier : rôle d'une infirmière de santé publique*. Med maladie infectieuse, vol 39, p. S73-S74, 2009.
- [168] Müller J-P. Des systèmes autonomes aux systèmes multi-agents : Interaction, émergence et systèmes complexes. Mémoire pour l'habilitation à diriger les recherches, Université de Montpellier II, 2002.
- [169] Muller G., Grébaut P., Gouteux J-P. *An agent-based model of sleeping sickness : simulation trials of a forest focus in southern Cameroon*. C.R. Biologies, vol. 327, p. 1-11, 2004.
- [170] Napier M. *Capturing transformations of place : the adaptation of a geographic information systems program for the creation and analysis of a large database of house plans*. ODA research scheme, n° R4865, p. 1-70, 1994.
- [171] Nastos P.T. et Matzarakis A. *Weather impacts on respiratory infections in Athens, Greece*. Int J Biometeorol, vol. 50, p. 358-369, 2006.
- [172] Newman M.E.J. *The structure and function of complex networks*. SIAM reviews, vol. 45, p. 167-256, 2003.
- [173] Nicholson KG. *Should staff in long-stay hospitals for elderly patients be vaccinated against influenza ?* Lancet, vol. 355, p. 83-84, 2000.
- [174] Note n° DGS/SD5C/DHOS/E2/DGAS/SD2/2004/444 du 17 septembre 2004 diffusant un avis du conseil supérieur d'hygiène publique en France, section maladies transmissibles, relatif à la prophylaxie chez les personnes à risque lors d'une épidémie de grippe dans une collectivité, en période de circulation du virus grippal.
- [175] Nutall I., O'Neil K. et Meert J-P. *Systèmes d'Information géographique et lutte contre les maladies tropicales*. Medecine tropicale, vol. 3, n° 58, p. 221-227, 1998.
- [176] Odell J. « *Agent Technology* » OMG. Green paper produced by the OMG Agent Working Group, 1999.
- [177] Ouzrout Y., Kabachi N., Vincent L. *Une société d'agents pour la prise de décision dans les organisations productives*. 4^{ème} journée francophone IAD et SMA, Sète, 1-3 avril 1996.

- [178] Pavé A. *Modélisation en Biologie et en Ecologie*. Aléas, Lyon, 1994.
- [179] Payet D., Medoc J.M., Ralambondrainy T., Guerrin F., Courdier R. *Outils d'observation et d'analyse de simulations multi-agents : l'expérience de la plate-forme Geamas/Biomass*. CABM-HEMA. Conference on Multi-agent modelling for environmental management, Bourg Saint Maurice - Les Arcs, France, 21-25 mars 2005.
- [180] Pesty S., Webber C., Balacheff N. *Baghera : une architecture multi-agents pour l'apprentissage humain*. Grenoble, laboratoire Leibniz IMAG.
- [181] Pittet D., Hugonnet S., Mourouga P., Sauvan V., Touveneau S., et al. *Effectiveness of a hospital-wide programme to improve compliance with hand hygiene*. Infection control programme. Lancet, vol. 356, p 1307-1312, 2000.
- [182] Podani J., Oltvai Z.N., Jeong H., Tombor B., Barabási A-L., Szathmary E. *Comparable system-level organization of Archaea and Eukaryotes*. Nature Genetics, vol. 29, p. 54-56, 2001.
- [183] Potter J, Stott DJ, Roberts MA, Elder AG, O'Donnell B, Knight PV et al. *Influenza vaccination of health care workers in long-term care hospitals reduces the mortality of elderly patients*. J Infect Dis., vol. 175, p. 1-6, 1997.
- [184] Price D.J.S. *Networks of scientific papers*. Science, vol. 149, p. 510-515, 1965.
- [185] Puzin D., Valleron A.J. *La modélisation de l'épidémie de SIDA*. Hôp Paris, vol. 110, p. 19-21, 1989.
- [186] Querrec R. *Modélisation de la ville et réalité virtuelle : Application à la sécurité civile*. Rapport intermédiaire de thèse, Brest, École nationale d'ingénieurs de Brest, 2000.
- [187] Ramanantsizehena P. et Ramiranirina B. *Système d'information géographique et épidémiologie de la bilharziose dans la région de Manandriana, Madagascar*. Editions scientifiques GB, Télédétection, vol. 5, n° (1-2-3), p. 139-152, 2005.
- [188] Rao A. et Georgeff M. *BDI agents : from theory to practice*. Technical Report 56, Australian Artificial Intelligence Institute, 1995.
- [189] Reed B., Molloy M. *A critical point for random graphs with a given degree sequence*. 1995.
- [190] Rey M. et Camus D. *Faciliter la vaccination grippale des voyageurs*. Lett. Soc. Méd. Voyages, vol. 1, p. 7, 2003.
- [191] Rhodes C.J. et Anderson R.M. *Epidemic thresholds and vaccination in a lattice model of disease spread*. Theor. Popul. Biol., vol. 52, p. 101-118, 1997.
- [192] Rohani P., Earn D.J. et Grenfell B.T. *Impact of immunisation on pertussis transmission in England and Wales*. Lancet 355, p. 285-286, 2000.
- [193] Rouchier J. *La Confiance à travers l'échange. Accès aux pâturages au Nord-Cameroun et échanges non-marchands : des simulations dans des Systèmes Multi-Agents*. Doctorat en environnement, Université d'Orléans, 2000.
- [194] Roux-Dufort C. *Gérer et décider en situation de crise*. 2ème édition, Dunod, 2003, p. 243 S.G.D.N., 2000, Mémento de coopération civilo-militaire et de gestion de crise, p.91, 2000.

- [195] Sabatier P., Babouchkine J-M. , Morvan J., Polidori L., Lacaux J.-P., Braak L., Dubois M.A. and Chaude H. *S2.Dengue. Surveillance spatiale et de la dengue. Conception d'outils d'acquisition, de cheminement, d'analyse et de prévision épidémiologique*. ITBM-RBM, vol. 25, Issue 5, p. 292-296, Novembre 2004.
- [196] Santos C.B. Dos, Barbin D., Caliri A. *Percolation and the epidemic phenomenon : a temporal and spatial approach of the illness spread*. In Scienta Agricola, vol. 55, n° 3, p. 418-427, 1998.
- [197] Sauvagnargues-Lesage S. *Contribution à la mise en oeuvre d'un système d'information géographique appliqué à la Sécurité Civile pour la prévention et la lutte contre les feux de forêts*. Thèse d'université, Aix-Marseille I, L.G.E.I, Ecole des Mines d'Alès, 1998.
- [198] Sauvagnargues-Lesage S., L'heritier B. et al. *Implementation of a GIS application for French fire-fighters in the Mediterranean area*. Computers, Environment and Urban Systems, vol. 25, p. 301-318, 2001.
- [199] Scott J. *Social Network Analysis : A Handbook*. Sage Publications, London, 2nd ed., 2000.
- [200] Sen P., Dasgupta S., Chatterjee A., Sreeram P.A., Mukherjee G., Manna S.S. *Small-world properties of the Indian railway network*. Preprint 0208535, 2002.
- [201] Shoham Y. *Agent oriented programming*. In Artificial intelligence, vol. 60, n° 1, p. 51-92, 1993.
- [202] Simoes J.M. *A complex system approach to spatial epidemic*. In www.conferences.unimelb.edu.au/smocs05/SMOCS_Papers/simoes.pdf, 2005.
- [203] Smallman-Raynor M. et Cliff A.D. *Epidemic diffusion processes in a system of U.S. military camps : transfer diffusion and the spread of Thyphoid Fever in the Spanish-American War, 1898*. Annals of the Association of American Geographers, vol. 91, n° 1, p. 71-91, 2001.
- [204] Snow J. *On the Mode of Communication of cholera*. 2nd Edition, 1855.
- [205] Sobesky M., Nadal J-M. et al. *Modélisation de l'épidémie du SIDA en Guyane Française*. Science de la vie, Volume 26, n° 2, p. 109-114, 1996.
- [206] Société Française de Gériatrie et de Gérontologie. *Conseils pratiques pour la prise en charge d'une épidémie de grippe en EHPAD*. Revue de Gériatrie. vol. 30, p. 457-462, 2005.
- [207] Source française de photogrammétrie et de télédétection, 1989.
- [208] Strogatz S.H. *Exploring complex networks*. Nature, vol. 410, p. 268-276, 2001.
- [209] Sycara K., Decker K., Pannu A., Williamson M., Zeng D. *Distributed Intelligent Agents*. IEEE Expert, Décembre 1996.
- [210] The committee to advise on tropical medicine and travel (CATMAT) and the national advisory committee on immunization (NACI). *Travel, influenza and prevention*. Can Com DIs Report, vol. 22, n° 17, p. 141-145, 1996.
- [211] Tobias R., Hofmann C. *Evaluation of free Java-libraries for social-scientific agent based simulation*. Journal of Artificial Societies and Social Simulation, vol. 7, n° 1, 2004.

- [212] Towers S, Feng Z. *Pandemic H1N1 influenza : predicting the course of a pandemic and assessing the efficacy of the planned vaccination programme in the United States*. In *Eurosurveillance*, Vol. 14, Issue 41, 15 October 2009.
- [213] Vabret A., Dina J., Cuvillon-Nimal D., Nguyen E., S. Gouarin, Petitjean J., Brouard J. et Freymuth F. *La grippe saisonnière*. *Pathologie Biologie*, vol. 58, n° 2, p. e51-e57, avril 2010.
- [214] Varenne F. *What does a computer simulation prove ? The case of plant modelling at CIRAD (France)*. In : 13th European Simulation Symposium, ESS'01. *Simulation in Industry*, éd. par G. Giambiasi et C. Frydman. p. 549-554. SCS Europe Bvba, October 2001.
- [215] Vercouter L. *Une gestion distribuée de l'ouverture dans un système multi-agent*. *Actes des Journées Francophones IAD et SMA*, Montréal, Canada, p. 177-188, Novembre 2001.
- [216] Wasserman S. et Faust K. *Social Network Analysis*. Cambridge University Press, Cambridge, 1994.
- [217] Watts D.J. et Strogatz S.H. *Collective dynamics of small-world networks*. *Nature*, 393 (4), juin 1998.
- [218] Watts D.J. *Small worlds*. Princeton University Press, Princeton, 1999.
- [219] Watts D.J. *Networks, Dynamics, and the Small-World Phenomenon*. *American Journal of Sociology*, vol. 105, p. 493-527, 1999.
- [220] Watts D.J. *Small words : the dynamics of networks between order and randomness*. Princeton Paperbacks, p. 264 (4), 2004.
- [221] Weiss G. *Multiagent Systems. A modern approach to distributed artificial intelligence*. The MIT press, Cambridge, massachussets, 1999.
- [222] Wooldridge M. *An introduction to multiagent systems*. John Wiley et Sons, 2002.
- [223] Zekri N., Clerc J-P. *Étude statistique et dynamique de la propagation d'épidémie dans un réseau petit-monde*. *Comptes Rendus Physique*, Vol. 3, Issue 6, p. 741-747, 2002.
- [224] Zhao Z., Chen L., Song X. *Impulsive vaccination of SEIR epidemic model with time delay and nonlinear incidence rate*. *Mathematics and Computers in Simulation*, vol. 79 , n° 3, p. 500-510, 2008.
- [225] Zongo P. *Modélisation mathématique de la dynamique de la transmission du paludisme*. Thèse d'université, Ouagadougou, LANIBIO, 2009.
- [226] grass.itc.it
- [227] [http ://pretopologie.complexica.net/biblio.html](http://pretopologie.complexica.net/biblio.html)
- [228] websenti.b3e.jussieu.fr/sentiweb.
- [229] www.arcgis.com
- [230] www.complexica.net/pretopolib/
- [231] www.cormas.cirad.fr.
- [232] www.fipa.org.
- [233] www.fr.wikipedia.org/wiki/Petit_monde.
- [234] www.geosig.com.

- [235] www.geotools.org.
- [236] www.hypergeo.eu/article.php3?id_article=2.
- [237] www.influenza.fr.
- [238] www.jade.cselt.it.
- [239] www.java.com/fr/download.
- [240] www.madkit.org.
- [241] www.mapfish.org.
- [242] www.mimosa.sourceforge.net.
- [243] www.mimosa.sourceforge.net/documentation/UsersManual.v125.pdf.
- [244] www.repast.sourceforge.net
- [245] www.sante-sports.gouv.fr/IMG/pdf/Fiche_recommandation.pdf.
- [246] www.swarm.org.